This Page Is Inserted by IFW Operations
and is not a part of the Official Record

BEST AVAILABLE IMAGES

Defective images within this document are accurate representations of the original documents submitted by the applicant.

Defects in the images may include (but are not limited to):

- BLACK BORDERS

- TEXT CUT OFF AT TOP, BOTTOM OR SIDES

- FADED TEXT

- ILLEGIBLE TEXT

- SKEWED/SLANTED IMAGES

- COLORED PHOTOS

- BLACK OR VERY BLACK AND WHITE DARK PHOTOS

- GRAY SCALE DOCUMENTS

IMAGES ARE BEST AVAILABLE COPY.

As rescanning documents *will not* correct images, please do not report the images to the Image Problem Mailbox.

PATENT ABSTRACTS OF JAPAN

(51)Int.Cl.

C12N 15/09
C12Q 1/04
C12Q 1/68

(54) METHOD FOR IDENTIFYING AND SPECIFICALLY DETECTING SLOWLY GROWING MYCOBACTERIA USING CHARACTERISTIC BASE SEQUENCE PRESENT IN DNA GYRASE GENE

(57)Abstract:

PROBLEM TO BE SOLVED: To allow accurately identifying/detecting slowly growing mycobacteria which can not be easily detected so far.

SOLUTION: This is a method for identifying and detecting slowly growing mycobacteria utilizing a characteristic base sequence present in gyrB gene.

LEGAL STATUS

[Date of request for examination]   05.09.2000

[Date of sending the examiner's decision of rejection]

[Kind of final disposal of application other than the examiner's decision of rejection or application converted registration]

[Date of final disposal for application]

[Patent number]

[Date of registration]

[Number of appeal against examiner's decision of rejection]

[Date of requesting appeal against examiner's decision of rejection]

[Date of extinction of right]

(51)Int.Cl.7		識別記号			FI			テーマコード（参考）
C12N	15/09		ZNA		C12Q	1/04		4B024
C12Q	1/04					1/68	A	4B063
	1/68				C12N	15/00	ZNAA	

(21)出願番号	特願平11-312525	(71)出願人 591001949
		株式会社海洋バイオテクノロジー研究所
(22)出願日	平成11年11月2日(1999.11.2)	東京都文京区本郷1丁目28番10号
		(72)発明者　笠井　宏朗
		岩手県釜石市平田第3地割75番1　株式会社海洋バイオテクノロジー研究所釜石研究所内
		(72)発明者　江崎　孝行
		岐阜県岐阜市司町40番地　岐阜大学医学部内
		(74)代理人 100091096
		弁理士　平木　祐輔　（外2名）

(54)【発明の名称】　DNAジャイレース遺伝子中に存在する特徴的な塩基配列を用いた遅発育性マイコバクテリアの同定法及び特異的検出法

(57)【要約】
【解決手段】　gyrB遺伝子中に存在する特徴的な塩基配列を利用して遅発育性マイコバクテリアの同定及び検出を行う方法。
【効果】　従来、同定及び検出が困難であった遅発育性マイコバクテリアについても正確に同定・検出を行うことが可能になる。

1

【特許請求の範囲】

【請求項１】 遅発育性マイコバクテリアのDNAジャイレースβサブユニットをコードするDNA中の配列番号7〜２２に対応する領域を増幅し、その増幅断片の塩基配列を配列番号７〜２２記載の塩基配列と比較し、各配列からの遺伝学的距離を求め、その遺伝学的距離により前記遅発育性マイコバクテリアの同定を行うことを特徴とする遅発育性マイコバクテリアの同定方法。

【請求項２】 配列番号４記載のアミノ酸配列の一部若しくは全部をコードする配列、又はそれと相補的な配列を含み、プライマー又はプローブとして実質的に機能するオリゴヌクレオチドを、プライマー又はプローブとして用いることにより、マイコバクテリウム・カンサシイを検出することを特徴とするマイコバクテリウム・カンサシイの検出方法。

【請求項３】 配列番号４記載のアミノ酸配列の一部若しくは全部をコードする配列、又はそれと相補的な配列を含み、プライマー又はプローブとして実質的に機能するオリゴヌクレオチドを含むことを特徴とするマイコバクテリウム・カンサシイの検出用キット。

【請求項４】 配列番号６記載のアミノ酸配列の一部若しくは全部をコードする配列、又はそれと相補的な配列を含み、プライマー又はプローブとして実質低に機能するオリゴヌクレオチドを、プライマー又はプローブとして用いることにより、マイコバクテリウム・ガストリを検出することを特徴とするマイコバクテリウム・ガストリの検出方法。

【請求項５】 配列番号６記載のアミノ酸配列の一部若しくは全部をコードする配列、又はそれと相補的な配列を含み、プライマー又はプローブとして実質低に機能するオリゴヌクレオチドを含むことを特徴とするマイコバクテリウム・ガストリの検出用キット。

【発明の詳細な説明】

【０００１】

【発明の属する技術分野】本発明は、結核並びに非結核性抗酸症の原因菌として多くの症例数のある遅発育性マイコバクテリアのDNAジャイレースβサブユニットをコードするDNA(以下、「gyrB遺伝子」という)の塩基配列を利用した同定・検出法に関するものである。本発明の同定・検出法は、各種産業分野において有用である。

【０００２】

【従来の技術】ヒトに結核並びに結核類似症を引き起こす抗酸菌種は遅発育性マイコバクテリアの属する種が複数知られている。その中でも臨床例としてはマイコバクテリウム・ツベルクローシス・コンプレックス(Mycobacterium tuberculosis complex)、マイコバクテリウム・アビウム・コンプレックス(Mycobacterium avium complex)、マイコバクテリウム・カンサシイ(Mycobacterium kansasii)がその大半を占めている。最近では後天性免疫不全症候群(AIDS)患者等においてはこれらの

細菌が全身播種性感染を引き起こし、AIDS患者の予後の重大な問題となっている。

【０００３】従来これらの菌種の同定・検出は、培養に基づく生理生化学的な方法によって行われていた。例えば、遅発育性マイコバクテリアの中には、１)光を照射した後に暗所で培養した場合にのみ黄色に発色するグループ(光発色菌)、２)光を照射せずに培養しても発色するグループ(暗発色菌)、３)光を照射しても発色しないグループ(非発色菌)の３グループが存在するので、この発色の違いを利用して同定・検出を行うことが行われてきた。また、培養した細菌がカタラーゼ生産を行うかどうか、ウレアーゼ活性、トゥイーン加水分解活性あるいは硝酸塩還元活性を示すかどうか、などにより同定・検出を行う方法も知られていた。

【０００４】しかし、これらの検査は純粋培養を必要とする上、比較の対象となる表現型は変化しやすく、判定が主観的になりがちであった。その結果、時間がかかる上に、正確な種の判定は極めて困難であった。この様な問題点を解決するために、近年になってポリメラーゼ連鎖反応(以下、「PCR」という)法などを用いて遺伝子の特定の塩基配列の有無を判定する同定・検出の方法が考案され利用されるようになった。PCR法は、培養を必要とせず迅速かつ客観的な判定を得るという点で、遅発育性のマイコバクテリアの同定・検出に適している。

【０００５】その際、用いられる遺伝子は多くの場合、rRNA遺伝子である。T. Rogallら(1990. J. Gen. Microbiol. 136; 1915-1920)は、16S rRNA配列を用いたPCRに基づくマイコバクテリア種の同定法を提案した。しかしながら、これらのプライマーは、異なった表現型特性を示すマイコバクテリウム・ガストリ(Mycobacterium gastri)とマイコバクテリウム・カンサシイを区別できなかった。一方B. Boddinghausら(1990. J. Clin. Microbiol. 28: 1751-1759)は、ヒト型結核菌グループや鳥型結核菌−バラ結核菌およびマイコバクテリウム・イントラセルラーレ(Mycobacterium intracellulare)グループに特異的である16S rRNA配列に由来するオリゴヌクレオチドを報告した。このオリゴヌクレオチドを用いても種のレベルでの同定を行う為に必要な解像度は得られなかった。これらのrRNA遺伝子配列を利用した同定法は、現在商品化され、日本ロッシュから「アンプリコア・マイコバクテリウム」という商品名の遺伝子診断キットとして販売されている。その他にも、東洋紡社(特開平10−323189号公報)やベクトン・ディッキンソン・アンド・カンパニー(特開平10−057098号公報)からrRNA配列を利用した検出あるいは同定法が開示されている。上に記したような二つの種を判別できない問題を解決するために、16S rRNAと23S rRNAの間の領域の配列を用いた同定・検出法がA. Rothらによって提案されている(1998. J. Clin. Microbiol. 36: 139-147)。しかし、16S rRNAと23S rRNAの間の領域は約200塩基対しかなく、

3

このような短い配列により精度の高い分子系統学的解析は困難で二菌種のどちらの配列とも一致しない中間的な配列を持つ新規株が現れた場合、どちらにより近縁かといった判断を下すことができない一方、シュードモナス（Pseudomonas）属、アシネトバクター（Acinetobacter）属を始め、多くの細菌で、進化速度の速いタンパク質をコードする遺伝子、なかでもgyrB遺伝子の1200塩基対の配列を用いることによって、より詳細で正確な分類・同定ができることが示された（Yamamoto, S. and S. Harayama. 1995. Appl. Environ. Microbiol. 61: 1104 -1109. Yamamoto, S. and S. Harayama. 1996. Int. J. Syst. Bacteriol. 46: 506-511. Harayama, S. and S. Yamamoto. 1996. p250-258 In Molecular Biology of Pseudomonas T. Nakazawa, K. Fukuda, D. Haas, S. Silver (eds) ASM press, Washington, D.C., 山本　敏、原山重明、化学と生物 1996 第34巻　第3号　p. 149-151., 山本　敏、原山重明、農芸化学会誌 1997 第71巻第9号　p.894-897.）。

【０００６】gyrB遺伝子以外のタンパク質をコードする遺伝子を用いて遅発育性マイコバクテリアの同定を行う試みは行われている。例えば、C. T. Shivannvarらはスーパーオキシド・ディスムターゼ遺伝子を利用して遅発育性のマイコバクテリアの系統関係と抗原性の関係を論じ（1994. J. Clin. Microbiol. 32: 2801-2812）、D. S. Swansonらは65 kD 熱ショックタンパク質遺伝子を用いて鳥型結核菌−パラ結核菌およびマイコバクテリウム・イントラセルラーレグループの詳細な分類を試みた（1997. Int. J. Syst. Bacteriol. 47: 414-419）。米国アボット・ラボラトリーズは特表平10-500567（国際公開番号WO95/31571）としてrRNA遺伝子以外にもマイコバクテリウム・ツベルクローシスのタンパク質抗原Bをコードする遺伝子や、マイコバクテリウム・ツベルクローシスの65 kD熱ショックタンパク質、10kD熱ショックタンパク質等の遺伝子配列並びに挿入配列IS987やIS6110の関連する配列を用いた検出法を開示している。他にもベクトン・ディッキンソン・アンド・カンパニーはマイコバクテリウム・パラツベルクロシスの70kD熱ショックタンパク質をコードする遺伝子に由来する検出・同定するプローブを特開平06-319560として開示している。しかしながら、これらの遺伝子のうち、分子系統学的に得られるデーターと従来の分類学的な手法による種の同定と比較した場合、矛盾が認められないことが示されているのはgyrB遺伝子のみであり（Yamamoto and Harayama 1998. Int. J. Syst. Bacteriol. 48: 813-819. Yamamoto et.al. 1999. Int. J. Syst. Bacteriol. 49: 87-95. Suzuki et al. 1999. Int.J. Syst. Bacteriol. in press, Kasai et al. 1999. Int. J. Syst. Bacteriol. in press）、新規に分離された株についても正確な分子系統学的な位置を決定でき、更に他の遺伝子では区別できなかった近縁種の区別できることなどから他の遺

4

伝子を用いた方法より有効な方法である。

【０００７】

【発明が解決しようとする課題】gyrB遺伝子を用いた細菌の同定・検出法については、既に本出願人により出願されている（特開平11-169175号公報）。しかし、この公報中では、遅発育性マイコバクテリアの同定・検出を行うに当たってgyrB遺伝子中のどの領域を利用すればよいかについては明らかにされていなかった。

【０００８】遅発育性マイコバクテリアには結核などの重要な疾病の原因細菌が含まれるため、この細菌群を正確に同定・検出するための方法が強く望まれている。一方、遅発育性マイコバクテリアは、生育速度が通常の細菌よりも遅いため、細菌の培養を必須とする生理生化学的方法では同定・検出が難しい。本発明は、このような技術的背景の下になされたものであり、gyrB遺伝子を利用した遅発育性マイコバクテリアの同定・検出方法を提供することにある。

【０００９】

【課題を解決するための手段】本発明者らは遅発育性マイコバクテリアの標準株のgyrB遺伝子配列を決定した。それらの配列に対して臨床から分離された株の分類学的な位置づけを行った。分類学的位置づけが矛盾のないことを、細菌の種の同定の標準的方法であるDNA-DNA 交雑法によって確認した。

【００１０】また、遺伝子配列を利用した細菌の検出法として最も一般的に用いられる16SrRNA遺伝子の配列では区別できない非結核性抗酸菌マイコバクテリウム・ガストリとマイコバクテリウム・カンサシイの標準株のDNAからgyrB 断片をPCR法によって増幅し塩基配列を決定した。得られた配列を比較したところ、両株の16S rRNA遺伝子配列は同一であるにも関わらず、両株のgyrB遺伝子配列1257塩基配列中66箇所が異なっていることを見い出した（図１）。それらの配列の違いを利用して両菌種それぞれに特異的なPCR増幅を可能にしたプライマーを設計した。

【００１１】本発明は、以上の知見により完成されたものである。即ち、本発明は、遅発育性マイコバクテリアのgyrB中の配列番号７～２２に対応する領域を増幅し、その増幅断片の塩基配列を配列番号７～２２記載の塩基配列と比較し、各配列からの遺伝学的距離を求め、その遺伝学的距離により前記遅発育性マイコバクテリアの同定を行うことを特徴とする遅発育性マイコバクテリアの同定方法である。

【００１２】また、本発明は、配列番号４記載のアミノ酸配列の一部若しくは全部をコードする配列、又はそれと相補的な配列を含み、プライマー又はプローブとして実質的に機能するオリゴヌクレオチドを、プライマー又はプローブとして用いることにより、マイコバクテリウム・カンサシイを検出することを特徴とするマイコバクテリウム・カンサシイの検出方法、及び前記オリゴヌク

5

レオチドを含むマイコバクテリウム・カンサシイの検出用キットである。

【００１３】更に、本発明は、配列番号６記載のアミノ酸配列の一部若しくは全部をコードする配列、又はそれと相補的な配列を含み、プライマー又はプローブとして実質低に機能するオリゴヌクレオチドを、プライマー又はプローブとして用いることにより、マイコバクテリウム・ガストリを検出することを特徴とするマイコバクテリウム・ガストリの検出方法、及び前記オリゴヌクレオチドを含むマイコバクテリウム・ガストリの検出用キットである。

【００１４】

【発明の実施の形態】以下、本発明を詳細に説明する。

（１）同定方法

本発明の遅発育性マイコバクテリアの同定方法は、遅発育性マイコバクテリアのgyrB中の配列番号７～２２に対＊

6

＊応する領域をPCRにより増幅し、その増幅断片の塩基配列を配列番号７～２２記載の塩基配列と比較し、各配列からの遺伝学的距離を求め、その遺伝学的距離により前記遅発育性マイコバクテリアの同定を行うことを特徴とする。

【００１５】本発明において同定とは、分子系統学的な手法等によって細菌の分類学的な位置を定めることをいう。gyrB中の配列番号７～２２に対応する領域を増幅するためのプライマーとしては、例えば、配列番号３９及び配列番号４０により表されるプライマーを例示することができるが、これらに限定されるわけではない。配列番号７～２２記載の塩基配列と、対応するアミノ酸配列及び由来とする微生物の名称との関係は、下表の通りである。

【００１６】

【表１】

塩基配列	アミノ酸配列	由来とする微生物の名称
配列番号７	配列番号２３	マイコバクテリウム・シミエ
配列番号８	配列番号２４	マイコバクテリウム・ボビス
配列番号９	配列番号２５	マイコバクテリウム・スツルガイ
配列番号１０	配列番号２６	マイコバクテリウム・マルモエンセ
配列番号１１	配列番号２７	マイコバクテリウム・イントラセルラーレ
配列番号１２	配列番号２８	マイコバクテリウム・アビウム
配列番号１３	配列番号２９	マイコバクテリウム・ゴルドナエ
配列番号１４	配列番号３０	アミコバクテリウム・アフリカヌム
配列番号１５	配列番号３１	マイコバクテリウム・ツベルクローシス
配列番号１６	配列番号３２	マイコバクテリウム・ガストリ
配列番号１７	配列番号３３	マイコバクテリウム・マリヌム
配列番号１８	配列番号３４	マイコバクテリウム・ミクロティ
配列番号１９	配列番号３５	マイコバクテリウム・アジアティカム
配列番号２０	配列番号３６	マイコバクテリウム・スクロファラセウム
配列番号２１	配列番号３７	マイコバクテリウム・ブランデリ
配列番号２２	配列番号３８	マイコバクテリウム・パラツベルクロシス

【００１７】遺伝学的距離は、例えば、Phylip プログラムの説明書にあるFelsenstein記載の方法に従って求めることができる（Felsenstein, J. 1993. PHYLIP(PhylogenyInference Package)version 3.5c. Distributed by the author, Department of Genetics, University of Washington, Seattle, U.S.A.）。

【００１８】（２）特異的検出

本発明のマイコバクテリウム・カンサシイの検出方法は、配列番号４記載のアミノ酸配列の一部若しくは全部をコードする配列、又はそれと相補的な配列を含み、プライマー又はプローブとして実質的に機能するオリゴヌクレオチドを、プライマー又はプローブとして用いることを特徴とするものである。また、本発明のマイコバクテリウム・カンサシイの検出用キットは、前記オリゴヌクレオチドを含むことを特徴とするものである。

【００１９】本発明のマイコバクテリウム・ガストリの検出方法は、配列番号６記載のアミノ酸配列の一部若し

くは全部をコードする配列、又はそれと相補的な配列を含み、プライマー又はプローブとして実質低に機能するオリゴヌクレオチドを、プライマー又はプローブとして用いることを特徴とするものである。また、本発明のマコバクテリウム・ガストリの検出用キットは、前記オリゴヌクレオチドを含むことを特徴とするものである。

【００２０】ここで、「プライマー又はプローブとして実質的に機能する」とは、特異的なアニール又はハイブリダイズが可能な程度の長さを有するという意味であり、検出対象とするDNAとアニール又はハイブリダイズする配列を有しているが、その長さが短いため非特異的なアニール又はハイブリダイゼーションを頻繁に起こし、特異的な検出に使用できないようなオリゴヌクレオチドを排除する趣旨である。

【００２１】マイコバクテリウム・カンサシイの検出に利用できるオリゴヌクレオチドとしては、配列番号３により表されるオリゴヌクレオチドを例示でき、マイコバ

7

クテリウム・ガストリの検出に利用できるオリゴヌクレオチドとしては、配列番号5により表されるオリゴヌクレオチドを例示できるが、これらに限定されるわけではない。

【0022】検出の対象とするDNAの調製、プライマーの作製及びそれを用いたPCR、プローブの調製及びそれを用いたハイブリダイゼーションは、常法に従って行うことができ、特別な方法を用いる必要はない。

【0023】なお、PCRに使用するプライマーは、両方が特異的にアニールするものである必要は必ずしもなく、一方は非特異的にアニールするものであってもよい。このような非特異的にアニールするプライマーの一例としては、配列番号1記載の塩基配列により表されるプライマーを挙げることができる。

【0024】
【実施例】〔実施例1〕配列番号39及び配列番号40記載の塩基配列により表されるオリゴヌクレオチドを利用して、臨床患者より分離された抗酸菌株8菌株（KPM 2201 T、KPM 2202、KPM 2203、KPM 2013、KPM 2014、KPM 1988-5、KPM 2209、KPM 2212）のgyrB遺伝子配列を決定した。得られたgyrB配列と遅発育性マイコバクテリア同定用gyrB配列セット（配列番号7-38）を利用して分子系統学的解析により系統関係を推定した。分子系統学的解析は、分子系統学的解析用汎用プログラムClustal W (Thompson, J. D., D. G. Higgins, and T. J. Gibson. 1994. Clustal W:improving thesensitivity of progressive multiple sequence alignment through sequencewei＊

8

＊ghting, positions-specific gap penalties and weight matrix choice. Nucleic Acids Res. 22: 4673-4680.)あるいはPhylip (Felsenstein, J. 1993. PHYLIP(Phylogeny Inference Package)version 3.5c. Distributed by the author, Department of Genetics, University of Washington, Seattle, U.S.A.) 等を用い、両プログラムの使用説明書に従い、以下のように行った。配列番号39及び配列番号40記載の塩基配列により表されるオリゴヌクレオチドを使用して得られたgyrB配列と配列番号7-38の遅発育性マイコバクテリア同定用gyrB配列セットをClustal Wプログラムにより多重整列ファイルを作成する。多重整列させる際に用いるパラメーターの一例は"Gap Open Penalty: 15.00;Gap Extension Penalty : 6.66; DNA weight matrix:IUB; DNA transition weight:0.5"である。得られた多重整列はアミノ酸配列から得られる多重整列ファイルと比較し、問題のある箇所は訂正する。次に、多重整列ファイルをもとに各配列間の遺伝学的距離を算出する。算出には、Phylipのdnadistプログラムを使用する。算出はKimura 2-parameter modelに従って行う。得られた遺伝学的距離から近隣結合法により系統樹を作成する。系統樹の分岐の確からしさはbootstrap確率を計算すること等により検定する。一方、上記8菌株を16S rRNA遺伝子を利用した手法及び生化学的手法によっても同定した。以上の結果を表2に示す。
【0025】
【表2】

株名	生化学的試験	16S rRNA 遺伝子	DNA 相同性試験
KPM 2201T	M. gordonae	M. gordonae	M. gordonae
KPM 2202	M. gastori	M. gordonae	M. gordonae
KPM 2203	M. gastori	M. gordonae	M. gordonae
KPM 2013	M. scrofulcerum	M. gordonae	新種
KPM 2014	M. scrofulcerum	M. gordonae	新種
KPM 1988-5	M. scrofulcerum	M. gordonae	新種
KPM 2209	M. scrofulcerum	M. gordonae	新種
KPM 2212	データーなし	M. gordonae	新種

【0026】表が示すように、上記8菌株のうち、KPM 2201T、KPM 2202、KPM 2203の3菌株は、マイコバクテリウム・ゴルドナエに属するものと同定されたが、残りのKPM 2013、KPM 2014、KPM 1988-5、KPM 2209、KPM 2212の5菌株は、マイコバクテリウム・ゴルドナエと近様ではあるが別種（新種）であることが示唆された（図3）。この結果を、検証するためにDNA-DNA交雑試験（Ezaki, T., Hashimoto, Y., Takeuchi, T., Yamamoto, H., Shu-Lin Liu, Matsui, K., & Yabuuchi, E(1988). J. Clin. Microbiol. 26, 1708-1713. Ezaki, T., Hashimoto, Y., Takeuchi & Yabuuchi, E(1989). Int. J. Syst. Bacteriol. 39, 224-229) を行ったところ新種であることが支持された。この結果は、遅発育性マイコバクテリア同定用gyrB配列セットが既知の株のみならず新

種の株に対しても信頼性の高い結果を与えることを示している。

【0027】〔実施例2〕マイコバクテリウム・カンサシイとマイコバクテリウム・ガストリのgyrB遺伝子の塩基配列を比較し（図1）、マイコバクテリウム・カンサシイのgyrB遺伝子に特異的にアニールするプライマー（配列番号3）とマイコバクテリウム・ガストリに特異的にアニールするプライマー（配列番号5）を作製した。また、両菌種のgyrB遺伝子にアニールするプライマー（配列番号1）も作製した。

【0028】これらのプライマーを用いて、臨床患者より単離された株 KPM 1004, KPM 1007, KPM KY256, KPM KY761, KPM KY768, KPM 1988-1, KPM 3502, KPM 3503の菌体破砕液についてPCRを行った。PCR法による増幅条件

は次のとおりである。

【００２９】

95 ℃　10分　　1サイクル

95 ℃　1分、68 ℃　1分30秒　　　30サイクル

72 ℃　10分　　1サイクル

プライマー濃度　各1 μM

dNTP　　　　　各100 μM

Ampli Taq GOLD™及び添付のPCR buffer Iを使用（米国 Perkin Elmer社）

【００３０】増幅されたDNA断片を電気泳動法により解 10 析したところ、KPM 1004, KPM 1007, KPM KY256, KPM K＊

＊Y761, KPM KY768, KPM 1988-1は配列番号1と3に示した 組み合わせでのみ増幅断片が観察されたので（表3）、 これらの株は マイコバクテリウム・カンサシイと同定 された。また、 KPM 3502, KPM 3503は配列番号1と5に 示した組み合わせでのみ増幅断片が観察されたので（表 3）、これらの株はマイコバクテリウム・ガストリ と 同定された。判定に用いた電気泳動像は図2に示すとお りである。これらの同定結果はDNA-DNA ハイブリダイゼ ーション法による同定結果と一致した。

【００３１】

【表3】

	M. kansasii	M. gastri
配列番号1 配列番号3	増幅可。	増幅不可。
配列番号1 配列番号5	増幅不可。	増幅可。

【００３２】

【発明の効果】本発明は、これまで同定することが困難 であった遅発育性マイコバクテリアの分類同定を正確に 20 行うことを実現するものである。また非結核性抗酸菌の うち16S rRNA 遺伝子配列に基づく同定法では鑑別が困 ※

※難であった菌種、例えばマイコバクテリウム・カンサシ イとマイコバクテリウム・ガストリイの迅速同定が可能 となる。

【００３３】

【配列表】

SEQUENCE LISTING

<110> MARINE BIOTECHNOLOGY INSTITUTE CO., LTD

<120> DNA GYIRESU IDENSHICHU NI SONZAISURU TOKUCHYOUTEKINA ENKIHAIRETSU WO MOCHIITA CHIHATSUIKUSEI MAIKOBAKUTERIA NO DOUTEIHOU OYOBI TOKUITEKI K ENSHUTSUHOU

<130> P99-0373

<160> 40

<170> PatentIn Ver. 2.0

<210> 1

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<400> 1

ggt gtc tcg gtg gtc aac gc

<210> 2

<211> 6

<212> PRT

<213> Artificial Sequence

<400> 2

Gly Val Ser Val Val Asn

<210> 3

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<400> 3

gac ctt gtg cgg ggc ggc gg

<210> 4

<211> 6

<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<400> 4
Ala Ala Pro His Lys Val
<210> 5
<211> 20
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<400> 5
cac ctt gtg ggg ggc ggt ga
<210> 6
<211> 6
<212> PRT
<213> Artificial Sequence
<400> 6
Thr Ala Pro His Lys Val
<210> 7
<211> 1263
<212> DNA
<213> Mycobacterium simiae
<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1263)
<400> 7

```
ggg gag aac agt ggc tac acc gtc agc ggc ggg ttg cac ggg gtc gga      48
Gly Glu Asn Ser Gly Tyr Thr Val Ser Gly Gly Leu His Gly Val Gly
 1               5                  10                  15

gtg tcg gtg gtc aac gcc ctg tcc acc cgc ctg gaa gtc aac gtc aag      96
Val Ser Val Val Asn Ala Leu Ser Thr Arg Leu Glu Val Asn Val Lys
                20                  25                  30

cgt gac ggc tat gag tgg ttc cag tac tac gac cgg gcg gtg ccc ggc     144
Arg Asp Gly Tyr Glu Trp Phe Gln Tyr Tyr Asp Arg Ala Val Pro Gly
            35                  40                  45

acc ctc aag caa ggc gag gcg acc aag aag acc ggc acc acg atc cgg     192
Thr Leu Lys Gln Gly Glu Ala Thr Lys Lys Thr Gly Thr Thr Ile Arg
        50                  55                  60

ttc tgg gcc gat cct gag atc ttc gaa acc acc cag tac gac ttc gag     240
Phe Trp Ala Asp Pro Glu Ile Phe Glu Thr Thr Gln Tyr Asp Phe Glu
65                  70                  75                  80

acg gtg gcg cgc cgg ttg cag gaa atg gcg ttc ctc aac aag ggc ctg     288
Thr Val Ala Arg Arg Leu Gln Glu Met Ala Phe Leu Asn Lys Gly Leu
                85                  90                  95

acc atc aac ctc acc gac gaa cgt gtc gag cag gac gag gtg gtc gat     336
Thr Ile Asn Leu Thr Asp Glu Arg Val Glu Gln Asp Glu Val Val Asp
                100                 105                 110

gag gtg gtt agc gac acc gcc gag gcg ccg aag tca gcc gag gag cag     384
Glu Val Val Ser Asp Thr Ala Glu Ala Pro Lys Ser Ala Glu Glu Gln
            115                 120                 125

gcg gcc gaa tcg gcc aag ccg cac aag gtc aag cac cgc acg ttc cac     432
Ala Ala Glu Ser Ala Lys Pro His Lys Val Lys His Arg Thr Phe His
```

13　　　　　　　　　　　　　　　　　　　　　　14

```
              130               135                 140
tac ccg ggt ggg ttg gtg gat ttc gtc aag cac atc aat cgc acc aaa    480
Tyr Pro Gly Gly Leu Val Asp Phe Val Lys His Ile Asn Arg Thr Lys
   145                150               155                160
aac ccg atc cag cag agc gtc atc gac ttc gac ggc aaa gga acc ggg    528
Asn Pro Ile Gln Gln Ser Val Ile Asp Phe Asp Gly Lys Gly Thr Gly
                   165               170               175
cac gaa gtc gag atc gcg atg cag tgg aac ggt ggt tat tcg gag tcg    576
His Glu Val Glu Ile Ala Met Gln Trp Asn Gly Gly Tyr Ser Glu Ser
              180               185               190
gtg cac acc ttc gcc aac acc atc aac acc cat gag ggc ggc acc cac    624
Val His Thr Phe Ala Asn Thr Ile Asn Thr His Glu Gly Gly Thr His
         195               200               205
gag gag ggc ttc cgc agc gcg ctg acc tcg gtg gtg aac aag tac gcc    672
Glu Glu Gly Phe Arg Ser Ala Leu Thr Ser Val Val Asn Lys Tyr Ala
      210               215               220
aaa gac aag aag ctg ctc aag gac aag gat ccc aac ctc acc ggc gac    720
Lys Asp Lys Lys Leu Leu Lys Asp Lys Asp Pro Asn Leu Thr Gly Asp
225                230               235                240
gac atc cga gaa ggg ctg gcc gcg gtg atc tcc gtg aag gtc gcc gag    768
Asp Ile Arg Glu Gly Leu Ala Ala Val Ile Ser Val Lys Val Ala Glu
              245               250               255
ccg cag ttc gag ggc cag act aag acg aaa ctc ggc aac acc gag gtc    816
Pro Gln Phe Glu Gly Gln Thr Lys Thr Lys Leu Gly Asn Thr Glu Val
              260               265               270
aag tcg ttt gtc cag aaa gtc tgt aac gaa caa ctc act cac tgg ttc    864
Lys Ser Phe Val Gln Lys Val Cys Asn Glu Gln Leu Thr His Trp Phe
         275               280               285
gag gcg aac ccg tcg gaa gct aaa acc gtt gta aac aag gcg gtt tcg    912
Glu Ala Asn Pro Ser Glu Ala Lys Thr Val Val Asn Lys Ala Val Ser
      290               295               300
tcg gcc cag gcc cgc att gcg gcg cgt aag gcg cgg gag ttg gtg cgg    960
Ser Ala Gln Ala Arg Ile Ala Ala Arg Lys Ala Arg Glu Leu Val Arg
305                310               315                320
cgt aag agt gct acg gat ttg ggt ggg ttg ccg ggc aag ttg gct gat   1008
Arg Lys Ser Ala Thr Asp Leu Gly Gly Leu Pro Gly Lys Leu Ala Asp
              325               330               335
tgc cgc tcg acg gat ccg cgg aag tct gag ctg tat gtg gtg gaa ggt   1056
Cys Arg Ser Thr Asp Pro Arg Lys Ser Glu Leu Tyr Val Val Glu Gly
         340               345               350
gat tcc gcg ggt ggg tcg gcg aaa agt ggg cgt gat tcg atg ttc cag   1104
Asp Ser Ala Gly Gly Ser Ala Lys Ser Gly Arg Asp Ser Met Phe Gln
      355               360               365
gcg atc ttg ccg ctg cgc ggc aag atc atc aac gtc gaa aag gcc cgc   1152
Ala Ile Leu Pro Leu Arg Gly Lys Ile Ile Asn Val Glu Lys Ala Arg
      370               375               380
atc gat cgg gtg ctg aaa aac acc gaa gtc cag gcc atc atc acc gcg   1200
Ile Asp Arg Val Leu Lys Asn Thr Glu Val Gln Ala Ile Ile Thr Ala
385                390               395                400
ctg ggc acc ggc atc cac gac gaa ttc gac atc acc aaa ctg cgt tac   1248
```

```
Leu Gly Thr Gly Ile His Asp Glu Phe Asp Ile Thr Lys Leu Arg Tyr
                405                 410                 415
cac aag atc gtg ttg                                                  1263
His Lys Ile Val Leu
            420
```

<210> 8
<211> 1257
<212> DNA
<213> Mycobacterium bovis
<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1257)
<400> 8

```
tcg gac gcg tat gcg ata tct ggt ggt ctg cac ggc gtc ggc gtg tcg   48
Ser Asp Ala Tyr Ala Ile Ser Gly Gly Leu His Gly Val Gly Val Ser
 1               5                   10                  15
gtg gtt aac gcg cta tcc acc cgg ctc gaa gtc gag atc aag cgc gac   96
Val Val Asn Ala Leu Ser Thr Arg Leu Glu Val Glu Ile Lys Arg Asp
                20                  25                  30
ggg tac gag tgg tct cag gtt tat gag aag tcg gaa ccc ctg ggc ctc  144
Gly Tyr Glu Trp Ser Gln Val Tyr Glu Lys Ser Glu Pro Leu Gly Leu
            35                  40                  45
aag caa ggg gcg ccg acc aag aag acg ggg tca acg gta cgg ttc tgg  192
Lys Gln Gly Ala Pro Thr Lys Lys Thr Gly Ser Thr Val Arg Phe Trp
        50                  55                  60
gcc gac ccc gct gtt ttc gaa acc acg gaa tac gac ttc gaa acc gtc  240
Ala Asp Pro Ala Val Phe Glu Thr Thr Glu Tyr Asp Phe Glu Thr Val
65                  70                  75                  80
gcc cgc cgg ctg caa gag atg gcg ttc ctc aac aag ggg ctg acc atc  288
Ala Arg Arg Leu Gln Glu Met Ala Phe Leu Asn Lys Gly Leu Thr Ile
                85                  90                  95
aac ctg acc gac gag agg gtg acc caa gac gag gtc gtc gac gaa gtg  336
Asn Leu Thr Asp Glu Arg Val Thr Gln Asp Glu Val Val Asp Glu Val
            100                 105                 110
gtc agc gac gtc gcc gag gcg ccg aag tcg gca agt gaa cgc gca gcc  384
Val Ser Asp Val Ala Glu Ala Pro Lys Ser Ala Ser Glu Arg Ala Ala
        115                 120                 125
gaa tcc act gca ccg cac aaa gtt aag agc cgc acc ttt cac tat ccg  432
Glu Ser Thr Ala Pro His Lys Val Lys Ser Arg Thr Phe His Tyr Pro
    130                 135                 140
ggt ggc ctg gtg gac ttc gtg aaa cac atc aac cgc acc aag aac gcg  480
Gly Gly Leu Val Asp Phe Val Lys His Ile Asn Arg Thr Lys Asn Ala
145                 150                 155                 160
att cat agc agc atc gtg gac ttt tcc ggc aag ggc acc ggg cac gag  528
Ile His Ser Ser Ile Val Asp Phe Ser Gly Lys Gly Thr Gly His Glu
                165                 170                 175
gtg gag atc gcg atg caa tgg aac gcc ggg tat tcg gag tcg gtg cac  576
Val Glu Ile Ala Met Gln Trp Asn Ala Gly Tyr Ser Glu Ser Val His
            180                 185                 190
acc ttc gcc aac acc atc aac acc cac gag ggc ggc acc cac gaa gag  624
```

Thr Phe Ala Asn Thr Ile Asn Thr His Glu Gly Gly Thr His Glu Glu
          195   200   205

ggc ttc cgc agc gcg ctg acg tcg gtg gtg aac aag tac gcc aag gac   672
Gly Phe Arg Ser Ala Leu Thr Ser Val Val Asn Lys Tyr Ala Lys Asp
          210   215   220

cgc aag cta ctg aag gac aag gac ccc aac ctc acc ggt gac gat atc   720
Arg Lys Leu Leu Lys Asp Lys Asp Pro Asn Leu Thr Gly Asp Asp Ile
225   230   235   240

cgg gaa ggc ctg gcc gct gtg atc tcg gtg aag gtc agc gaa ccg cag   768
Arg Glu Gly Leu Ala Ala Val Ile Ser Val Lys Val Ser Glu Pro Gln
                  245   250   255

ttc gag ggc cag acc aag acc aag ttg ggc aac acc gag gtc aaa tcg   816
Phe Glu Gly Gln Thr Lys Thr Lys Leu Gly Asn Thr Glu Val Lys Ser
                  260   265   270

ttt gtg cag aag gtc tgt aat gaa cag ctg acc cac tgg ttt gaa gcc   864
Phe Val Gln Lys Val Cys Asn Glu Gln Leu Thr His Trp Phe Glu Ala
                  275   280   285

aac ccc acc gac tcg aaa gtc gtt gtg aac aag gct gtg tcc tcg gcg   912
Asn Pro Thr Asp Ser Lys Val Val Val Asn Lys Ala Val Ser Ser Ala
          290   295   300

caa gcc cgt atc gcg gca cgt aag gca cga gag ttg gtg cgg cgt aag   960
Gln Ala Arg Ile Ala Ala Arg Lys Ala Arg Glu Leu Val Arg Arg Lys
305   310   315   320

agc gcc acc gac atc ggt gga ttg ccc ggc aag ctg gcc gat tgc cgt   1008
Ser Ala Thr Asp Ile Gly Gly Leu Pro Gly Lys Leu Ala Asp Cys Arg
                  325   330   335

tcc acg gat ccg cgc aag tcc gaa ctg tat gtc gta gaa ggt gac tcg   1056
Ser Thr Asp Pro Arg Lys Ser Glu Leu Tyr Val Val Glu Gly Asp Ser
                  340   345   350

gcc ggc ggt tct gca aaa agc ggt cgc gat tcg atg ttc cag gcg ata   1104
Ala Gly Gly Ser Ala Lys Ser Gly Arg Asp Ser Met Phe Gln Ala Ile
          355   360   365

ctt ccg ctg cgc ggc aag atc atc aat gtg gag aaa gcg cgc atc gac   1152
Leu Pro Leu Arg Gly Lys Ile Ile Asn Val Glu Lys Ala Arg Ile Asp
370   375   380

cgg gtg cta aag aac acc gaa gtt cag gcg atc atc acg gcg ctg ggc   1200
Arg Val Leu Lys Asn Thr Glu Val Gln Ala Ile Ile Thr Ala Leu Gly
385   390   395   400

acc ggg atc cac gac gag ttc gat atc ggc aag ctg cgc tac cac aag   1248
Thr Gly Ile His Asp Glu Phe Asp Ile Gly Lys Leu Arg Tyr His Lys
                  405   410   415

atc gtg ctg   1257
Ile Val Leu

<210> 9
<211> 1263
<212> DNA
<213> Mycobacterium szulgai
<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1263)

<400> 9

```
ggc gag aac agt ggc tac aac gtc agt ggt ggt ctg cac ggc gtc ggg      48
Gly Glu Asn Ser Gly Tyr Asn Val Ser Gly Gly Leu His Gly Val Gly
 1               5                  10                  15

gtg tcg gtg gtg aac gcg ctg tcg acc cgg ctc gag gtc gac atc aag      96
Val Ser Val Val Asn Ala Leu Ser Thr Arg Leu Glu Val Asp Ile Lys
                20                  25                  30

cgt gac ggc cac aag tgg tcg cag ttc tac aac aag gcc gtg ccg ggc     144
Arg Asp Gly His Lys Trp Ser Gln Phe Tyr Asn Lys Ala Val Pro Gly
            35                  40                  45

acg ctc aaa cag ggt gaa gcc act aag aaa acc gga acg aca att agg     192
Thr Leu Lys Gln Gly Glu Ala Thr Lys Lys Thr Gly Thr Thr Ile Arg
        50                  55                  60

ttc tgg gcc gac ccg gac atc ttc gag acc acc gaa tac gac ttc·gag     240
Phe Trp Ala Asp Pro Asp Ile Phe Glu Thr Thr Glu Tyr Asp Phe Glu
 65                  70                  75                  80

acc gtg gca cgc cgg ctg cag gaa atg gca ttc ctg aac aag ggc ttg     288
Thr Val Ala Arg Arg Leu Gln Glu Met Ala Phe Leu Asn Lys Gly Leu
                85                  90                  95

acc atc aac ctc acc gac gag cga gtt gcc cag gac gag gtt gtc gac     336
Thr Ile Asn Leu Thr Asp Glu Arg Val Ala Gln Asp Glu Val Val Asp
                100                 105                 110

gag gtc gtc agc gac acc gcc gag gca ccc aag tcc gcc gaa gaa aag     384
Glu Val Val Ser Asp Thr Ala Glu Ala Pro Lys Ser Ala Glu Glu Lys
            115                 120                 125

gcg gcc gaa tcc aaa ggg ccg cat aag gtt aag cac cgc act ttc cat     432
Ala Ala Glu Ser Lys Gly Pro His Lys Val Lys His Arg Thr Phe His
            130                 135                 140

tac ccc ggc ggg ctg atc gac ttc gtc aag cac atc aac cgg acc aag     480
Tyr Pro Gly Gly Leu Ile Asp Phe Val Lys His Ile Asn Arg Thr Lys
145                 150                 155                 160

agc ccg atc cag cag agt gtc gtc gcc ttc gac ggc aag ggt gaa ggg     528
Ser Pro Ile Gln Gln Ser Val Val Ala Phe Asp Gly Lys Gly Glu Gly
                165                 170                 175

cac gag gtc gag atc gcg atg cag tgg aac ggc ggc tat tcg gag tcg     576
His Glu Val Glu Ile Ala Met Gln Trp Asn Gly Gly Tyr Ser Glu Ser
                180                 185                 190

gtg cac acc ttc gcc aac acc atc aac acc cac gag ggc ggc acc cac     624
Val His Thr Phe Ala Asn Thr Ile Asn Thr His Glu Gly Gly Thr His
            195                 200                 205

gaa gaa ggg ttc cgc agc gca ctg aca tcg gtg gtg aac aag tac gcc     672
Glu Glu Gly Phe Arg Ser Ala Leu Thr Ser Val Val Asn Lys Tyr Ala
        210                 215                 220

aaa gac aag aag ctg ctc aag gag aag gac gcc aac ctc acc ggc gac     720
Lys Asp Lys Lys Leu Leu Lys Glu Lys Asp Ala Asn Leu Thr Gly Asp
225                 230                 235                 240

gac att cgc gag ggc ctg gcc gcg gtc atc tcg gtg aaa gtt gcc gaa     768
Asp Ile Arg Glu Gly Leu Ala Ala Val Ile Ser Val Lys Val Ala Glu
                245                 250                 255

ccg cag ttc gag ggc cag acc aag acc aaa ctg ggt aac acc gag gtc     816
```

```
                Pro Gln Phe Glu Gly Gln Thr Lys Thr Lys Leu Gly Asn Thr Glu Val
                         260                 265                 270

aag tcg ttc gta cag aag gtc tgc aac gaa cag ctg acc cac tgg ttc    864
Lys Ser Phe Val Gln Lys Val Cys Asn Glu Gln Leu Thr His Trp Phe
         275                 280                 285

gag gcc aac ccg tcg gaa gcc aaa acc gtc gtg aac aag gcg gtc tcg    912
Glu Ala Asn Pro Ser Glu Ala Lys Thr Val Val Asn Lys Ala Val Ser
         290                 295                 300

tcg gca cag gcg cgt atc gcc gcc cgc aag gca cga gag ttg gtg cgt    960
Ser Ala Gln Ala Arg Ile Ala Ala Arg Lys Ala Arg Glu Leu Val Arg
305                 310                 315                 320

cgc aag agc gct acc gat ctc ggt ggg ctg ccc ggc aag ctg gcc gac    1008
Arg Lys Ser Ala Thr Asp Leu Gly Gly Leu Pro Gly Lys Leu Ala Asp
                 325                 330                 335

tgc cgc tcc acc gat ccg cgc aag tcg gaa ttg tat gtg gtg gaa ggg    1056
Cys Arg Ser Thr Asp Pro Arg Lys Ser Glu Leu Tyr Val Val Glu Gly
                 340                 345                 350

gac tcg gcc ggc ggc tcc gcc aag agc ggc cgc gac tcg atg ttt cag    1104
Asp Ser Ala Gly Gly Ser Ala Lys Ser Gly Arg Asp Ser Met Phe Gln
                 355                 360                 365

gcg ata ctt ccg ttg cgc ggc aag atc atc aac gtc gag aag gcc cgc    1152
Ala Ile Leu Pro Leu Arg Gly Lys Ile Ile Asn Val Glu Lys Ala Arg
         370                 375                 380

atc gac cgg gtg ctg aag aac acc gaa gtc cag gcg atc atc acc gcg    1200
Ile Asp Arg Val Leu Lys Asn Thr Glu Val Gln Ala Ile Ile Thr Ala
385                 390                 395                 400

ctg ggt acc gga att cac gac gag ttc gac ctc gcc aaa ctg cgc tac    1248
Leu Gly Thr Gly Ile His Asp Glu Phe Asp Leu Ala Lys Leu Arg Tyr
                 405                 410                 415

cac aag atc gtg ctg                                                1263
His Lys Ile Val Leu
         420
```

<210> 10

<211> 1263

<212> DNA

<213> Mycobacterium malmoense

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1263)

<400> 10

```
ggc gag aac agc gga tac aac gtc agt ggc ggt ttg cac ggt gtc ggc    48
Gly Glu Asn Ser Gly Tyr Asn Val Ser Gly Gly Leu His Gly Val Gly
1               5                   10                  15

gtg tcg gtg gtc aac gcg ttg tcg acc cgg ctc gag gtg gat gtc gcc    96
Val Ser Val Val Asn Ala Leu Ser Thr Arg Leu Glu Val Asp Val Ala
         20                  25                  30

cgc gac ggc tac atg tgg tca cag ttc tac gat cac gcc gag ccg gga    144
Arg Asp Gly Tyr Met Trp Ser Gln Phe Tyr Asp His Ala Glu Pro Gly
         35                  40                  45

acc ctc aaa cag ggc gag gcc acc aag acg acg gga acc acc atc agg    192
```

23　　　　　　　　　　　　　　　　　　　24

```
Thr Leu Lys Gln Gly Glu Ala Thr Lys Thr Thr Gly Thr Thr Ile Arg
     50                  55                  60

ttc tgg gcc gat ccc gac atc ttc gag acc acc gag tac gac ttc gag   240
Phe Trp Ala Asp Pro Asp Ile Phe Glu Thr Thr Glu Tyr Asp Phe Glu
65                  70                  75                  80

acg gtg gcg cgc cga ctg cag gaa atg gcg ttc ctg aac aag ggt ttg   288
Thr Val Ala Arg Arg Leu Gln Glu Met Ala Phe Leu Asn Lys Gly Leu
                 85                  90                  95

acg atc aac ctc acc gac gag cgg gtc agt gaa gag gag gtc gtc gac   336
Thr Ile Asn Leu Thr Asp Glu Arg Val Ser Glu Glu Glu Val Val Asp
                 100                 105                 110

gat gtc gtc agc gac acc gcc gag gca ccc aag tcc gcc gta gaa aaa   384
Asp Val Val Ser Asp Thr Ala Glu Ala Pro Lys Ser Ala Val Glu Lys
             115                 120                 125

gcg gcc gaa tcg act ggc cca cac aag gtt aag cac cgc acg ttc cac   432
Ala Ala Glu Ser Thr Gly Pro His Lys Val Lys His Arg Thr Phe His
         130                 135                 140

tac ccg ggc ggc ttg gtg gac ttc gtc aag cac atc aat cgg acc aag   480
Tyr Pro Gly Gly Leu Val Asp Phe Val Lys His Ile Asn Arg Thr Lys
145                 150                 155                 160

aac ccg att cac aac agc atc gtg gat ttc tcc ggc aag gga ccg ggc   528
Asn Pro Ile His Asn Ser Ile Val Asp Phe Ser Gly Lys Gly Pro Gly
                 165                 170                 175

cac gag gtc gaa atc gcg atg cag tgg aat gcc ggc tac tcg gag tcg   576
His Glu Val Glu Ile Ala Met Gln Trp Asn Ala Gly Tyr Ser Glu Ser
                 180                 185                 190

gtg cac acc ttc gcc aac acc atc aac acc cac gag ggc ggc acc cac   624
Val His Thr Phe Ala Asn Thr Ile Asn Thr His Glu Gly Gly Thr His
             195                 200                 205

gaa gag ggc ttc cgc agc gcg ttg acg tcg gtg gtc aac aaa tac gcc   672
Glu Glu Gly Phe Arg Ser Ala Leu Thr Ser Val Val Asn Lys Tyr Ala
         210                 215                 220

aag gac cgc aaa ctc ctg aag gac aaa gac ccc aac ctc acc ggc gac   720
Lys Asp Arg Lys Leu Leu Lys Asp Lys Asp Pro Asn Leu Thr Gly Asp
225                 230                 235                 240

gac atc cgg gaa ggc ctg gca gcg gtc att tcc gtc aag gtc agc gaa   768
Asp Ile Arg Glu Gly Leu Ala Ala Val Ile Ser Val Lys Val Ser Glu
                 245                 250                 255

ccg caa ttc gag ggc cag acc aaa acc aag ctg ggc aac acc gag gtc   816
Pro Gln Phe Glu Gly Gln Thr Lys Thr Lys Leu Gly Asn Thr Glu Val
                 260                 265                 270

aag tcg ttc gtg cag aag gtc tgc aac gaa cag ctc acg cac tgg ttc   864
Lys Ser Phe Val Gln Lys Val Cys Asn Glu Gln Leu Thr His Trp Phe
             275                 280                 285

gaa gcc aac ccg gcg gat gcc aaa act gtt gta aac aag gcg gtt tcg   912
Glu Ala Asn Pro Ala Asp Ala Lys Thr Val Val Asn Lys Ala Val Ser
         290                 295                 300

tcg gcc cag gcc cga atc gca gcg cgc aag gcg cga gaa ctg gtg cgc   960
Ser Ala Gln Ala Arg Ile Ala Ala Arg Lys Ala Arg Glu Leu Val Arg
305                 310                 315                 320
```

cgc aag agc gcc acc gac ctc ggt ggg ctg ccg ggt aag ctc gca gac 1008
Arg Lys Ser Ala Thr Asp Leu Gly Gly Leu Pro Gly Lys Leu Ala Asp
         325   330   335

tgc cgc tcc acc gac ccg cga aag tcg gaa ctg tat gtg gtg gag ggt 1056
Cys Arg Ser Thr Asp Pro Arg Lys Ser Glu Leu Tyr Val Val Glu Gly
         340   345   350

gac tcg gcc ggc ggc tcg gcc aag agc ggc cgc gac tcg atg ttc cag 1104
Asp Ser Ala Gly Gly Ser Ala Lys Ser Gly Arg Asp Ser Met Phe Gln
         355   360   365

gcg atc ctc ccg ctg cgt ggc aag atc atc aac gtc gag aag gcg cgc 1152
Ala Ile Leu Pro Leu Arg Gly Lys Ile Ile Asn Val Glu Lys Ala Arg
         370   375   380

atc gac cgg gtg ctg aag aac acc gaa gtt cag gcg atc atc acc gcg 1200
Ile Asp Arg Val Leu Lys Asn Thr Glu Val Gln Ala Ile Ile Thr Ala
385   390   395   400

ctg ggc acg ggg att cac gac gag ttc gac atc acc aag ctc cgg tac 1248
Leu Gly Thr Gly Ile His Asp Glu Phe Asp Ile Thr Lys Leu Arg Tyr
         405   410   415

cac aag atc gtg ctg 1263
His Lys Ile Val Leu
         420

<210> 11

<211> 1263

<212> DNA

<213> Mycobacterium intracellulare

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1263)

<400> 11

ggt gag aac agc ggt tac aac gtc agc ggt ggc ctg cac ggc gtg ggc 48
Gly Glu Asn Ser Gly Tyr Asn Val Ser Gly Gly Leu His Gly Val Gly
1   5   10   15

gtc tcg gtg gtc aac gcg ctg tcg acc cgg ctc gag gtg gac atc gcc 96
Val Ser Val Val Asn Ala Leu Ser Thr Arg Leu Glu Val Asp Ile Ala
         20   25   30

cgc gat ggc tac gaa tgg tcg cag ttc tac gac cac gcc gta ccc gga 144
Arg Asp Gly Tyr Glu Trp Ser Gln Phe Tyr Asp His Ala Val Pro Gly
         35   40   45

acg ctc aaa cag ggt gag gcc acc aag cgg acg ggc acc acg atc agg 192
Thr Leu Lys Gln Gly Glu Ala Thr Lys Arg Thr Gly Thr Thr Ile Arg
         50   55   60

ttc tgg gcc gac ccc gac atc ttc gag acc acc gag tac gac ttc gag 240
Phe Trp Ala Asp Pro Asp Ile Phe Glu Thr Thr Glu Tyr Asp Phe Glu
65   70   75   80

acg gtg gcg cgc cgg ctg cag gaa atg gcg ttc ctc aac aag ggg ttg 288
Thr Val Ala Arg Arg Leu Gln Glu Met Ala Phe Leu Asn Lys Gly Leu
         85   90   95

acc atc aac ctc acc gac gag cgg gtg agc aac gag gag gtc gtc gac 336
Thr Ile Asn Leu Thr Asp Glu Arg Val Ser Asn Glu Glu Val Val Asp
         100   105   110

27

28

```
gag gtc gtc agc gat acc gcc gac gca ccc aag tcg gcc cag gaa aag   384
Glu Val Val Ser Asp Thr Ala Asp Ala Pro Lys Ser Ala Gln Glu Lys
        115                 120                 125

gcg gcg gaa tcg act gcg cca cat aag gtt aag cac cgc acc ttc cac   432
Ala Ala Glu Ser Thr Ala Pro His Lys Val Lys His Arg Thr Phe His
        130                 135                 140

tac ccc ggc ggt ctg gtc gac ttc gtc aag cac atc aac cgc acc aag   480
Tyr Pro Gly Gly Leu Val Asp Phe Val Lys His Ile Asn Arg Thr Lys
145                 150                 155                 160

agc ccg atc cag cag agc atc atc gac ttc gac ggc aaa ggt ccc ggc   528
Ser Pro Ile Gln Gln Ser Ile Ile Asp Phe Asp Gly Lys Gly Pro Gly
                165                 170                 175

cac gag gtc gag atc gcg atg cag tgg aac ggc ggc tac tcg gaa tcc   576
His Glu Val Glu Ile Ala Met Gln Trp Asn Gly Gly Tyr Ser Glu Ser
                180                 185                 190

gtg cac acc ttc gcc aac acc atc aac acc cac gag ggc ggc acc cac   624
Val His Thr Phe Ala Asn Thr Ile Asn Thr His Glu Gly Gly Thr His
                195                 200                 205

gaa gag ggc ttc cgc agc gcg ctg acg tcg gtg gtg aac aag tac gcc   672
Glu Glu Gly Phe Arg Ser Ala Leu Thr Ser Val Val Asn Lys Tyr Ala
        210                 215                 220

aaa gac aag aag ttg ctg aaa gac aag gac ccg aac ctc acc ggc gac   720
Lys Asp Lys Lys Leu Leu Lys Asp Lys Asp Pro Asn Leu Thr Gly Asp
225                 230                 235                 240

gac att cgc gaa ggc ctg gcc gcg gtg atc tcg gtc aag gtc agc gaa   768
Asp Ile Arg Glu Gly Leu Ala Ala Val Ile Ser Val Lys Val Ser Glu
                245                 250                 255

ccg cag ttc gag ggt cag acc aag acc aag ctg ggc aac acc gaa gtg   816
Pro Gln Phe Glu Gly Gln Thr Lys Thr Lys Leu Gly Asn Thr Glu Val
                260                 265                 270

aag tcg ttc gtg cag aag gtc tgc aac gaa cag ctc acc cac tgg ttc   864
Lys Ser Phe Val Gln Lys Val Cys Asn Glu Gln Leu Thr His Trp Phe
                275                 280                 285

gag gcc aac ccc gcg gac gcc aag gtg gtg gtc aac aag gcg gtg tcg   912
Glu Ala Asn Pro Ala Asp Ala Lys Val Val Val Asn Lys Ala Val Ser
        290                 295                 300

tcg gcg cag gcc cgg atc gcc gcg cgc aag gcg cga gag ttg gtg cgt   960
Ser Ala Gln Ala Arg Ile Ala Ala Arg Lys Ala Arg Glu Leu Val Arg
305                 310                 315                 320

cgc aag agc gcc acc gat ctg ggc ggg ctg ccc ggc aag ctc gcc gac   1008
Arg Lys Ser Ala Thr Asp Leu Gly Gly Leu Pro Gly Lys Leu Ala Asp
                325                 330                 335

tgc cgc tcg acg gat ccg cgc aag tcg gaa ctg tat gtg gtg gag ggt   1056
Cys Arg Ser Thr Asp Pro Arg Lys Ser Glu Leu Tyr Val Val Glu Gly
                340                 345                 350

gat tcg gcc ggc ggc tcg gcg aag agc ggc cgc gac tcg atg ttc cag   1104
Asp Ser Ala Gly Gly Ser Ala Lys Ser Gly Arg Asp Ser Met Phe Gln
                355                 360                 365

gcc atc ctg ccg ctg cgc ggc aag atc atc aac gtc gag aag gcc cgc   1152
Ala Ile Leu Pro Leu Arg Gly Lys Ile Ile Asn Val Glu Lys Ala Arg
```

```
                                      29                      30
                 370              375              380
atc gac cgg gtg ttg aag aac acc gag gtg cag gcc atc atc acc gcc    1200
Ile Asp Arg Val Leu Lys Asn Thr Glu Val Gln Ala Ile Ile Thr Ala
 385              390              395              400
ctg ggc acc ggc atc cac gac gag ttc gac atc acc aag ctg cgc tat    1248
Leu Gly Thr Gly Ile His Asp Glu Phe Asp Ile Thr Lys Leu Arg Tyr
                      405              410              415
cac aag atc gtg ctg                                                1263
His Lys Ile Val Leu
                420
```

<210> 12

<211> 1263

<212> DNA

<213> Mycobacterium avium

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1263)

<400> 12

```
ggc gag aac agc ggc tac aac gtc agc ggc ggt ctg cac ggc gtc ggc     48
Gly Glu Asn Ser Gly Tyr Asn Val Ser Gly Gly Leu His Gly Val Gly
 1               5                10               15
gtc tcg gtg gtc aac gcg ctg tcc act cgg ctc gag gtc aac atc gcc     96
Val Ser Val Val Asn Ala Leu Ser Thr Arg Leu Glu Val Asn Ile Ala
                20               25               30
cgc gac ggc tac gag tgg tcg cag tac tac gac cac gcc gtg ccc ggc    144
Arg Asp Gly Tyr Glu Trp Ser Gln Tyr Tyr Asp His Ala Val Pro Gly
            35               40               45
acc ctc aag cag ggc gag gcc acc aag cgc acc ggc acc acc atc cgg    192
Thr Leu Lys Gln Gly Glu Ala Thr Lys Arg Thr Gly Thr Thr Ile Arg
        50               55               60
ttc tgg gcc gac ccc gac atc ttc gag acc acc gag tac gac ttc gaa    240
Phe Trp Ala Asp Pro Asp Ile Phe Glu Thr Thr Glu Tyr Asp Phe Glu
 65               70               75               80
acg gtg gcc cgg cgg ctg cag gaa atg gcg ttc ctc aac aag ggc ctg    288
Thr Val Ala Arg Arg Leu Gln Glu Met Ala Phe Leu Asn Lys Gly Leu
                85               90               95
acc atc aac ctc acc gac gag cgg gtg acc aac gaa gag gtc gtc gac    336
Thr Ile Asn Leu Thr Asp Glu Arg Val Thr Asn Glu Glu Val Val Asp
                100              105              110
gag gtg gtc agc gac acc gcc gac gca ccc aag tcg gcg cag gag aag    384
Glu Val Val Ser Asp Thr Ala Asp Ala Pro Lys Ser Ala Gln Glu Lys
            115              120              125
gcg gcg gaa tcg gct gcg ccg cat aag gtc aag cac cgc acc ttc cac    432
Ala Ala Glu Ser Ala Ala Pro His Lys Val Lys His Arg Thr Phe His
        130              135              140
tac ccc ggc ggc ctg gtc gac ttc gtc aaa cac atc aat cgc acc aaa    480
Tyr Pro Gly Gly Leu Val Asp Phe Val Lys His Ile Asn Arg Thr Lys
145              150              155              160
aac ccc atc cac cag agc atc atc gat ttc ggt ggg aag ggc ccc ggc    528
Asn Pro Ile His Gln Ser Ile Ile Asp Phe Gly Gly Lys Gly Pro Gly
```

31   32

```
                165                 170                 175
cac gag gtc gag atc gcg atg cag tgg aac ggc ggc tac tcc gaa tcg    576
His Glu Val Glu Ile Ala Met Gln Trp Asn Gly Gly Tyr Ser Glu Ser
            180                 185                 190
gtg cac acc ttc gcc aac acc atc aac acg cac gag ggc ggc acc cac    624
Val His Thr Phe Ala Asn Thr Ile Asn Thr His Glu Gly Gly Thr His
            195                 200                 205
gag gag ggc ttc cgc agc gcg ctg acc tcc gtg gtc aac aag tac gcc    672
Glu Glu Gly Phe Arg Ser Ala Leu Thr Ser Val Val Asn Lys Tyr Ala
            210                 215                 220
aag gac aag aag ctg ctc aag gac aag gac ccc aac ctg acc ggc gac    720
Lys Asp Lys Lys Leu Leu Lys Asp Lys Asp Pro Asn Leu Thr Gly Asp
225                 230                 235                 240
gac atc cgc gag ggt ttg gcc gcg gtg atc tcg gtc aag gtg agc gaa    768
Asp Ile Arg Glu Gly Leu Ala Ala Val Ile Ser Val Lys Val Ser Glu
                245                 250                 255
ccg cag ttc gag ggc cag acc aag acc aaa ctg ggc aac acc gag gtg    816
Pro Gln Phe Glu Gly Gln Thr Lys Thr Lys Leu Gly Asn Thr Glu Val
            260                 265                 270
aag tcg ttc gtg cag aag gtg tgc aac gaa cag ctc acc cac tgg ttc    864
Lys Ser Phe Val Gln Lys Val Cys Asn Glu Gln Leu Thr His Trp Phe
            275                 280                 285
gaa gcc aac ccc gca gac gcc aaa gtc att gtc aac aag gcg gtt tca    912
Glu Ala Asn Pro Ala Asp Ala Lys Val Ile Val Asn Lys Ala Val Ser
            290                 295                 300
tca gcg cag gcg cgc atc gcc gcg cgc aag gcg cga gag ttg gtg cgc    960
Ser Ala Gln Ala Arg Ile Ala Ala Arg Lys Ala Arg Glu Leu Val Arg
305                 310                 315                 320
cgc aag agc gca acc gac ctg ggc ggg ctg ccc ggc aag ctc gcc gac    1008
Arg Lys Ser Ala Thr Asp Leu Gly Gly Leu Pro Gly Lys Leu Ala Asp
                325                 330                 335
tgc cgg tcg acc gac ccg cgc aag tcg gaa ttg tat gtg gtc gag ggt    1056
Cys Arg Ser Thr Asp Pro Arg Lys Ser Glu Leu Tyr Val Val Glu Gly
            340                 345                 350
gac tcg gcc ggc ggc tcg gcg aaa agc ggc cgg gac tcg atg ttc cag    1104
Asp Ser Ala Gly Gly Ser Ala Lys Ser Gly Arg Asp Ser Met Phe Gln
            355                 360                 365
gcc atc ctt ccg ctg cgc ggc aag atc atc aac gtc gaa aag gcc cgc    1152
Ala Ile Leu Pro Leu Arg Gly Lys Ile Ile Asn Val Glu Lys Ala Arg
            370                 375                 380
atc gac cgg gtg ctg aag aac acc gag gtg cag gcg atc atc acc gcg    1200
Ile Asp Arg Val Leu Lys Asn Thr Glu Val Gln Ala Ile Ile Thr Ala
385                 390                 395                 400
ctg ggc acc ggg att cac gac gag ttc gac atc acc aag ctg cgc tac    1248
Leu Gly Thr Gly Ile His Asp Glu Phe Asp Ile Thr Lys Leu Arg Tyr
                405                 410                 415
cac aag atc gtg ttg                                                1263
His Lys Ile Val Leu
            420
```

<210> 13

<211> 1263

<212> DNA

<213> Mycobacterium gordonae

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1263)

<400> 13

```
ggc gag aac agc ggc tac acg gtc agc ggt ggg ttg cac ggc gtg ggc      48
Gly Glu Asn Ser Gly Tyr Thr Val Ser Gly Gly Leu His Gly Val Gly
 1               5                  10                  15

gtg tcg gtg gtt aac gcg ttg tcg acg cgg ttg gaa gtc gac atc aaa      96
Val Ser Val Val Asn Ala Leu Ser Thr Arg Leu Glu Val Asp Ile Lys
                20                  25                  30

cgc gac ggg cac gag tgg tcg cag tat tac aag cgc gcg gtg ccg ggc     144
Arg Asp Gly His Glu Trp Ser Gln Tyr Tyr Lys Arg Ala Val Pro Gly
             35                  40                  45

acc ctc aag cag ggt gag acg acc cgc aag acc ggc acc aca atc cgg     192
Thr Leu Lys Gln Gly Glu Thr Thr Arg Lys Thr Gly Thr Thr Ile Arg
         50                  55                  60

ttc tgg gcg gat ccg gag atc ttc gag acc acc caa tac gac ttc gag     240
Phe Trp Ala Asp Pro Glu Ile Phe Glu Thr Thr Gln Tyr Asp Phe Glu
 65                  70                  75                  80

acg gtg gcg cgc cgg ctg cag gag atg gcg ttc ctg aac aag ggt ctg     288
Thr Val Ala Arg Arg Leu Gln Glu Met Ala Phe Leu Asn Lys Gly Leu
                 85                  90                  95

acg atc aat ctg acc gac gaa cgc gtc gag cag gac gag gtt gtc gac     336
Thr Ile Asn Leu Thr Asp Glu Arg Val Glu Gln Asp Glu Val Val Asp
                100                 105                 110

gag gtc gtc agc gac acc gcc gaa gcg ccc aaa tcc gcc gaa gag aag     384
Glu Val Val Ser Asp Thr Ala Glu Ala Pro Lys Ser Ala Glu Glu Lys
            115                 120                 125

gct gcc gaa tcc aag gcc ccg cac aag gtc aag cag cgc acc ttc cac     432
Ala Ala Glu Ser Lys Ala Pro His Lys Val Lys Gln Arg Thr Phe His
        130                 135                 140

tat ccc ggt ggt ctg gtc gac ttc gtc aaa cac atc aac cgc acc aaa     480
Tyr Pro Gly Gly Leu Val Asp Phe Val Lys His Ile Asn Arg Thr Lys
145                 150                 155                 160

agc ccg atc cag cag agc gtc atc gac ttc gaa ggc aaa ggc acc ggc     528
Ser Pro Ile Gln Gln Ser Val Ile Asp Phe Glu Gly Lys Gly Thr Gly
                165                 170                 175

cac gag gtc gaa atc gcg atg cag tgg aac ggc ggc tac tcc gaa tcg     576
His Glu Val Glu Ile Ala Met Gln Trp Asn Gly Gly Tyr Ser Glu Ser
            180                 185                 190

gtg cac acc ttc gcc aac acc atc aac acc cac gag ggc ggc acc cac     624
Val His Thr Phe Ala Asn Thr Ile Asn Thr His Glu Gly Gly Thr His
            195                 200                 205

gaa gag ggc ttc cgc agt gcg ctg acc tcg gtg gtc aac aag tac gcc     672
Glu Glu Gly Phe Arg Ser Ala Leu Thr Ser Val Val Asn Lys Tyr Ala
210                 215                 220

aaa gac aag aag ctg ctc aag gag aag gac ccg aat ctc acc ggt gac     720
```

35   36

Lys Asp Lys Lys Leu Leu Lys Glu Lys Asp Pro Asn Leu Thr Gly Asp
225   230   235   240

gac atc cgg gag ggg ttg gcc gcg gtg atc tcg gtg aag gtc gcc gaa   768
Asp Ile Arg Glu Gly Leu Ala Ala Val Ile Ser Val Lys Val Ala Glu
                245   250   255

ccg cag ttc gag ggt cag acc aag acc aag ctg ggc aac acc gag gtc   816
Pro Gln Phe Glu Gly Gln Thr Lys Thr Lys Leu Gly Asn Thr Glu Val
                260   265   270

aag tcg ttc gtg cag aag gtg tgc aac gaa cag ctc acc cac tgg ttc   864
Lys Ser Phe Val Gln Lys Val Cys Asn Glu Gln Leu Thr His Trp Phe
                275   280   285

gag gcc aat ccg tcg gaa gct aaa acc gtt gtg aac aaa gcg gtg tcg   912
Glu Ala Asn Pro Ser Glu Ala Lys Thr Val Val Asn Lys Ala Val Ser
                290   295   300

tcc gcc cag gcg cgg atc gcc gcg cgc aaa gcg cga gag ctg gtg cgc   960
Ser Ala Gln Ala Arg Ile Ala Ala Arg Lys Ala Arg Glu Leu Val Arg
305   310   315   320

cgc aag agc gca acc gac ctc ggc ggc ctg ccg ggc aag ctc gcc gac   1008
Arg Lys Ser Ala Thr Asp Leu Gly Gly Leu Pro Gly Lys Leu Ala Asp
                325   330   335

tgc cgt tcg acg gat ccc cgc aaa tcc gaa ctg tat gtg gtg gag ggg   1056
Cys Arg Ser Thr Asp Pro Arg Lys Ser Glu Leu Tyr Val Val Glu Gly
                340   345   350

gac tcc gcc ggc ggc tcg gcc aag agc ggt cgg gat tcg atg ttc cag   1104
Asp Ser Ala Gly Gly Ser Ala Lys Ser Gly Arg Asp Ser Met Phe Gln
                355   360   365

gcg att ctt ccg ttg cgc ggc aag atc atc aac gtc gag aag gcc cgc   1152
Ala Ile Leu Pro Leu Arg Gly Lys Ile Ile Asn Val Glu Lys Ala Arg
                370   375   380

atc gac cgg gtg ctg aag aac acc gaa gtc cag gcc atc atc acc gcg   1200
Ile Asp Arg Val Leu Lys Asn Thr Glu Val Gln Ala Ile Ile Thr Ala
385   390   395   400

ctg ggc acc ggg atc cac gac gag ttc gac atc acc aaa ctg cgc tac   1248
Leu Gly Thr Gly Ile His Asp Glu Phe Asp Ile Thr Lys Leu Arg Tyr
                405   410   415

cac aag atc gta ttg   1263
His Lys Ile Val Leu
                420

<210> 14
<211> 1257
<212> DNA
<213> Mycobacterium africanum
<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1257)
<400> 14

tcg gac gcg tat gcg ata tct ggt ggt ctg cac ggc gtc ggc gtg tcg   48
Ser Asp Ala Tyr Ala Ile Ser Gly Gly Leu His Gly Val Gly Val Ser
1   5   10   15

gtg gtt aac gcg cta tcc acc cgg ctc gaa gtc gag atc aag cgc gac   96

```
                Val Val Asn Ala Leu Ser Thr Arg Leu Glu Val Glu Ile Lys Arg Asp
                        20                  25                  30

ggg tac gag tgg tct cag gtt tat gag aag tcg gaa ccc ctg ggc ctc    144
Gly Tyr Glu Trp Ser Gln Val Tyr Glu Lys Ser Glu Pro Leu Gly Leu
        35                  40                  45

aag caa ggg gcg ccg acc aag aag acg ggg tca acg gtg cgg ttc tgg    192
Lys Gln Gly Ala Pro Thr Lys Lys Thr Gly Ser Thr Val Arg Phe Trp
        50                  55                  60

gcc gac ccc gct gtt ttc gaa acc acg gaa tac gac ttc gaa acc gtc    240
Ala Asp Pro Ala Val Phe Glu Thr Thr Glu Tyr Asp Phe Glu Thr Val
65                  70                  75                  80

gcc cgc cgg ctg caa gag atg gcg ttc ctc aac aag ggg ctg acc atc    288
Ala Arg Arg Leu Gln Glu Met Ala Phe Leu Asn Lys Gly Leu Thr Ile
                85                  90                  95

aac ctg acc gac gag agg gtg acc caa gac gag gtc gtc gac gaa gtg    336
Asn Leu Thr Asp Glu Arg Val Thr Gln Asp Glu Val Val Asp Glu Val
                100                 105                 110

gtc agc gac gtc gcc gag gcg ccg aag tcg gca agt gaa cgc gca gcc    384
Val Ser Asp Val Ala Glu Ala Pro Lys Ser Ala Ser Glu Arg Ala Ala
        115                 120                 125

gaa tcc act gca ccg cac aaa gtt aag agc cgc acc ttt cac tat ccg    432
Glu Ser Thr Ala Pro His Lys Val Lys Ser Arg Thr Phe His Tyr Pro
        130                 135                 140

ggt ggc ctg gtg gac ttc gtg aaa cac atc aac cgc acc aag aac gcg    480
Gly Gly Leu Val Asp Phe Val Lys His Ile Asn Arg Thr Lys Asn Ala
145                 150                 155                 160

att cat agc agc atc gtg gac ttt tcc ggc aag ggc acc ggg cac gag    528
Ile His Ser Ser Ile Val Asp Phe Ser Gly Lys Gly Thr Gly His Glu
                165                 170                 175

gtg gag atc gcg atg caa tgg aac gcc ggg tat tcg gag tcg gtg cac    576
Val Glu Ile Ala Met Gln Trp Asn Ala Gly Tyr Ser Glu Ser Val His
        180                 185                 190

acc ttc gcc aac acc atc aac acc cac gag ggc ggc acc cac gaa gag    624
Thr Phe Ala Asn Thr Ile Asn Thr His Glu Gly Gly Thr His Glu Glu
        195                 200                 205

ggc ttc cgc agc gcg ctg acg tcg gtg gtg aac aag tac gcc aag gac    672
Gly Phe Arg Ser Ala Leu Thr Ser Val Val Asn Lys Tyr Ala Lys Asp
        210                 215                 220

cgc aag cta ctg aag gac aag gac ccc aac ctc acc ggt gac gat atc    720
Arg Lys Leu Leu Lys Asp Lys Asp Pro Asn Leu Thr Gly Asp Asp Ile
225                 230                 235                 240

cgg gaa ggc ctg gcc gct gtg atc tcg gtg aag gtc agc gaa ccg cag    768
Arg Glu Gly Leu Ala Ala Val Ile Ser Val Lys Val Ser Glu Pro Gln
                245                 250                 255

ttc gag ggc cag acc aag acc aag ttg ggc aac acc gag gtc aaa tcg    816
Phe Glu Gly Gln Thr Lys Thr Lys Leu Gly Asn Thr Glu Val Lys Ser
                260                 265                 270

ttt gtg cag aag gtc tgt aac gaa cag ctg acc cac tgg ttt gaa gcc    864
Phe Val Gln Lys Val Cys Asn Glu Gln Leu Thr His Trp Phe Glu Ala
        275                 280                 285
```

aac ccc acc gac tcg aaa gtc gtt gtg aac aag gct gtg tcc tcg gcg   912
Asn Pro Thr Asp Ser Lys Val Val Val Asn Lys Ala Val Ser Ser Ala
      290   295   300

caa gcc cgt atc gcg gca cgt aag gca cga gag ttg gtg cgg cgt aag   960
Gln Ala Arg Ile Ala Ala Arg Lys Ala Arg Glu Leu Val Arg Arg Lys
305   310   315   320

agc gcc acc gac atc ggt gga ttg ccc ggc aag ctg gcc gat tgc cgt   1008
Ser Ala Thr Asp Ile Gly Gly Leu Pro Gly Lys Leu Ala Asp Cys Arg
              325   330   335

tcc acg gat ccg cgc aag tcc gaa ctg tat gtc gta gaa ggt gac tcg   1056
Ser Thr Asp Pro Arg Lys Ser Glu Leu Tyr Val Val Glu Gly Asp Ser
              340   345   350

gcc ggc ggt tct gca aaa agc ggt cgc gat tcg atg ttc cag gcg ata   1104
Ala Gly Gly Ser Ala Lys Ser Gly Arg Asp Ser Met Phe Gln Ala Ile
              355   360   365

ctt ccg ctg cgc ggc aag atc atc aat gtg gag aaa gcg cgc atc gac   1152
Leu Pro Leu Arg Gly Lys Ile Ile Asn Val Glu Lys Ala Arg Ile Asp
      370   375   380

cgg gtg cta aag aac acc gaa gtt cag gcg atc atc acg gcg ctg ggc   1200
Arg Val Leu Lys Asn Thr Glu Val Gln Ala Ile Ile Thr Ala Leu Gly
385   390   395   400

acc ggg atc cac gac gag ttc gat atc ggc aag ctg cgc tac cac aag   1248
Thr Gly Ile His Asp Glu Phe Asp Ile Gly Lys Leu Arg Tyr His Lys
              405   410   415

atc gtg ctg   1257
Ile Val Leu

<210> 15
<211> 1257
<212> DNA
<213> Mycobacterium tuberculosis
<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1257)
<400> 15
tcg gac gcg tat gcg ata tct ggt ggt ctg cac ggc gtc ggc gtg tcg   48
Ser Asp Ala Tyr Ala Ile Ser Gly Gly Leu His Gly Val Gly Val Ser
1   5   10   15

gtg gtt aac gcg cta tcc acc cgg ctc gaa gtc gag atc aag cgc gac   96
Val Val Asn Ala Leu Ser Thr Arg Leu Glu Val Glu Ile Lys Arg Asp
              20   25   30

ggg tac gag tgg tct cag gtt tat gag aag tcg gaa ccc ctg ggc ctc   144
Gly Tyr Glu Trp Ser Gln Val Tyr Glu Lys Ser Glu Pro Leu Gly Leu
              35   40   45

aag caa ggg gcg ccg acc aag aag acg ggg tca acg gtg cgg ttc tgg   192
Lys Gln Gly Ala Pro Thr Lys Lys Thr Gly Ser Thr Val Arg Phe Trp
      50   55   60

gcc gac ccc gct gtt ttc gaa acc acg gaa tac gac ttc gaa acc gtc   240
Ala Asp Pro Ala Val Phe Glu Thr Thr Glu Tyr Asp Phe Glu Thr Val
65   70   75   80

gcc cgc cgg ctg caa gag atg gcg ttc ctc aac aag ggg ctg acc atc   288

41
42

```
                    Ala Arg Arg Leu Gln Glu Met Ala Phe Leu Asn Lys Gly Leu Thr Ile
                                 85                  90                  95

aac ctg acc gac gag agg gtg acc caa gac gag gtc gtc gac gaa gtg    336
Asn Leu Thr Asp Glu Arg Val Thr Gln Asp Glu Val Val Asp Glu Val
            100                 105                 110

gtc agc gac gtc gcc gag gcg ccg aag tcg gca agt gaa cgc gca gcc    384
Val Ser Asp Val Ala Glu Ala Pro Lys Ser Ala Ser Glu Arg Ala Ala
        115                 120                 125

gaa tcc act gca ccg cac aaa gtt aag agc cgc acc ttt cac tat ccg    432
Glu Ser Thr Ala Pro His Lys Val Lys Ser Arg Thr Phe His Tyr Pro
        130                 135                 140

ggt ggc ctg gtg gac ttc gtg aaa cac atc aac cgc acc aag aac gcg    480
Gly Gly Leu Val Asp Phe Val Lys His Ile Asn Arg Thr Lys Asn Ala
145                 150                 155                 ·160

att cat agc agc atc gtg gac ttt tcc ggc aag ggc acc ggg cac gag    528
Ile His Ser Ser Ile Val Asp Phe Ser Gly Lys Gly Thr Gly His Glu
                165                 170                 175

gtg gag atc gcg atg caa tgg aac gcc ggg tat tcg gag tcg gtg cac    576
Val Glu Ile Ala Met Gln Trp Asn Ala Gly Tyr Ser Glu Ser Val His
            180                 185                 190

acc ttc gcc aac acc atc aac acc cac gag ggc ggc acc cac gaa gag    624
Thr Phe Ala Asn Thr Ile Asn Thr His Glu Gly Gly Thr His Glu Glu
            195                 200                 205

ggc ttc cgc agc gcg ctg acg tcg gtg gtg aac aag tac gcc aag gac    672
Gly Phe Arg Ser Ala Leu Thr Ser Val Val Asn Lys Tyr Ala Lys Asp
        210                 215                 220

cgc aag cta ctg aag gac aag gac ccc aac ctc acc ggt gac gat atc    720
Arg Lys Leu Leu Lys Asp Lys Asp Pro Asn Leu Thr Gly Asp Asp Ile
225                 230                 235                 240

cgg gaa ggc ctg gcc gct gtg atc tcg gtg aag gtc agc gaa ccg cag    768
Arg Glu Gly Leu Ala Ala Val Ile Ser Val Lys Val Ser Glu Pro Gln
                245                 250                 255

ttc gag ggc cag acc aag acc aag ttg ggc aac acc gag gtc aaa tcg    816
Phe Glu Gly Gln Thr Lys Thr Lys Leu Gly Asn Thr Glu Val Lys Ser
                260                 265                 270

ttt gtg cag aag gtc tgt aac gaa cag ctg acc cac tgg ttt gaa gcc    864
Phe Val Gln Lys Val Cys Asn Glu Gln Leu Thr His Trp Phe Glu Ala
            275                 280                 285

aac ccc acc gac gcg aaa gtc gtt gtg aac aag gct gtg tcc tcg gcg    912
Asn Pro Thr Asp Ala Lys Val Val Val Asn Lys Ala Val Ser Ser Ala
        290                 295                 300

caa gcc cgt atc gcg gca cgt aag gca cga gag ttg gtg cgg cgt aag    960
Gln Ala Arg Ile Ala Ala Arg Lys Ala Arg Glu Leu Val Arg Arg Lys
305                 310                 315                 320

agc gcc acc gac atc ggt gga ttg ccc ggc aag ctg gcc gat tgc cgt    1008
Ser Ala Thr Asp Ile Gly Gly Leu Pro Gly Lys Leu Ala Asp Cys Arg
                325                 330                 335

tcc acg gat ccg cgc aag tcc gaa ctg tat gtc gta gaa ggt gac tcg    1056
Ser Thr Asp Pro Arg Lys Ser Glu Leu Tyr Val Val Glu Gly Asp Ser
            340                 345                 350
```

43   44

```
gcc ggc ggt tct gca aaa agc ggt cgc gat tcg atg ttc cag gcg ata   1104
Ala Gly Gly Ser Ala Lys Ser Gly Arg Asp Ser Met Phe Gln Ala Ile
            355             360             365

ctt ccg ctg cgc ggc aag atc atc aat gtg gag aaa gcg cgc atc gac   1152
Leu Pro Leu Arg Gly Lys Ile Ile Asn Val Glu Lys Ala Arg Ile Asp
            370             375             380

cgg gtg cta aag aac acc gaa gtt cag gcg atc atc acg gcg ctg ggc   1200
Arg Val Leu Lys Asn Thr Glu Val Gln Ala Ile Ile Thr Ala Leu Gly
385             390             395             400

acc ggg atc cac gac gag ttc gat atc ggc aag ctg cgc tac cac aag   1248
Thr Gly Ile His Asp Glu Phe Asp Ile Gly Lys Leu Arg Tyr His Lys
                405             410             415

atc gtg ctg                                                         1257
Ile Val Leu
```

<210> 16

<211> 1257

<212> DNA

<213> Mycobacterium gastri

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1257)

<400> 16

```
tcc gac gcc tat gcg ata tcg ggt gga ctg cac ggt gtg ggt gtc tcg   48
Ser Asp Ala Tyr Ala Ile Ser Gly Gly Leu His Gly Val Gly Val Ser
 1               5               10              15

gtg gtc aac gcg ctg tcc atc cgg ctg gag gtg gag atc aag cgc gac   96
Val Val Asn Ala Leu Ser Ile Arg Leu Glu Val Glu Ile Lys Arg Asp
            20              25              30

ggc cat gag tgg tcg caa gtt tat gag aag tcc gag ccg atg gga ctc   144
Gly His Glu Trp Ser Gln Val Tyr Glu Lys Ser Glu Pro Met Gly Leu
            35              40              45

aag caa ggc gcg ccg acg aag aag acc ggc acg acg gtg cgg ttc tgg   192
Lys Gln Gly Ala Pro Thr Lys Lys Thr Gly Thr Thr Val Arg Phe Trp
            50              55              60

gcc gac ccc aac gtt ttt gaa acc acc gag tac gac ttc gaa acc gtc   240
Ala Asp Pro Asn Val Phe Glu Thr Thr Glu Tyr Asp Phe Glu Thr Val
65              70              75              80

gcg cga cgg ttg cag gag atg gcg ttt ctc aac aag ggg ctc acc atc   288
Ala Arg Arg Leu Gln Glu Met Ala Phe Leu Asn Lys Gly Leu Thr Ile
                85              90              95

aac ctg acc gat cag cgg gta acc cag gac gaa gtg gtc gac gag gtg   336
Asn Leu Thr Asp Gln Arg Val Thr Gln Asp Glu Val Val Asp Glu Val
            100             105             110

gtc agc gac gtc gcc gag gcc ccg aag tcg gcc agt gag aag gcg gcc   384
Val Ser Asp Val Ala Glu Ala Pro Lys Ser Ala Ser Glu Lys Ala Ala
            115             120             125

gaa ttc acc gcc ccc cac aag gtg aag aag cgt acc ttt cac tat ccc   432
Glu Phe Thr Ala Pro His Lys Val Lys Lys Arg Thr Phe His Tyr Pro
            130             135             140

ggt ggc ttg gtt gac ttc gtc aag cac atc aac cgc acc aag aac gcc   480
Gly Gly Leu Val Asp Phe Val Lys His Ile Asn Arg Thr Lys Asn Ala
```

45

46

```
             Gly Gly Leu Val Asp Phe Val Lys His Ile Asn Arg Thr Lys Asn Ala
             145             150             155             160
atc cac agc agc atc gtc gac ttc tcc gga aag ggg acc ggc cac gaa    528
Ile His Ser Ser Ile Val Asp Phe Ser Gly Lys Gly Thr Gly His Glu
                 165             170             175
gtg gag atc gcg atg cag tgg aat gcc ggc tat tcg gag tcg gtg cac    576
Val Glu Ile Ala Met Gln Trp Asn Ala Gly Tyr Ser Glu Ser Val His
                     180             185             190
acc ttc gcc aac acc atc aac acc cat gag ggc ggg acc cat gaa gaa    624
Thr Phe Ala Asn Thr Ile Asn Thr His Glu Gly Gly Thr His Glu Glu
                     195             200             205
ggg ttc cgc agc gcg ctc acg tcc gtg gtg aac aag tac gcc aag gac    672
Gly Phe Arg Ser Ala Leu Thr Ser Val Val Asn Lys Tyr Ala Lys Asp
                 210             215             220
cgc aaa ctg ctc aaa gac aag gac ccc aac ctc acc ggc gac gac atc    720
Arg Lys Leu Leu Lys Asp Lys Asp Pro Asn Leu Thr Gly Asp Asp Ile
225             230             235             240
cgg gaa ggg ttg gcc gcg gtg att tcg gtc aaa gtc agc gaa ccg cag    768
Arg Glu Gly Leu Ala Ala Val Ile Ser Val Lys Val Ser Glu Pro Gln
                     245             250             255
ttc gag ggc cag acc aag acg aaa cta ggc aac acc gag gtg aag tcg    816
Phe Glu Gly Gln Thr Lys Thr Lys Leu Gly Asn Thr Glu Val Lys Ser
                 260             265             270
ttc gtg cag aag gtg tgc aat gaa cag ctc acc cat tgg ttc gag gcc    864
Phe Val Gln Lys Val Cys Asn Glu Gln Leu Thr His Trp Phe Glu Ala
                 275             280             285
```

```
aac ccc gct gat gct aaa acc gtt gtc aac aag gca gtt tca tcg gcg    912
Asn Pro Ala Asp Ala Lys Thr Val Val Asn Lys Ala Val Ser Ser Ala
                 290             295             300
cag gcc agg att gcg gcc cgc aag gcg cgc gag ttg gtg cgc cgc aag    960
Gln Ala Arg Ile Ala Ala Arg Lys Ala Arg Glu Leu Val Arg Arg Lys
305             310             315             320
agc gca acc gat ctg ggc gga cta ccg ggc aag ttg gcc gac tgc cgc   1008
Ser Ala Thr Asp Leu Gly Gly Leu Pro Gly Lys Leu Ala Asp Cys Arg
                     325             330             335
tcg acc gac ccc cgt aag tcc gaa tta tat gtg gtg gag ggt gat tca   1056
Ser Thr Asp Pro Arg Lys Ser Glu Leu Tyr Val Val Glu Gly Asp Ser
                 340             345             350
gcc ggc ggc tcg gcg aag agc ggc cgc gac tcg atg ttt caa gcg atc   1104
Ala Gly Gly Ser Ala Lys Ser Gly Arg Asp Ser Met Phe Gln Ala Ile
                 355             360             365
ttg ccg ttg cgc ggc aag atc atc aac gtc gag aag gcc cgc atc gac   1152
Leu Pro Leu Arg Gly Lys Ile Ile Asn Val Glu Lys Ala Arg Ile Asp
             370             375             380
cgg gtg ctg aag aac acc gaa gtc cag gcg atc atc acc gcg ttg ggc   1200
Arg Val Leu Lys Asn Thr Glu Val Gln Ala Ile Ile Thr Ala Leu Gly
385             390             395             400
acc ggt att cac gac gaa ttc gac atc gcg aga ctg cgt tac cac aag   1248
```

```
Thr Gly Ile His Asp Glu Phe Asp Ile Ala Arg Leu Arg Tyr His Lys
            405              410              415

atc gtg ctg                                              1257
Ile Val Leu
```

<210> 17

<211> 1263

<212> DNA

<213> Mycobacterium marinum

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1263)

<400> 17

```
ggc gag aac agt ggt tac aac gtc agt ggt ggt ctg cac ggc gtg ggt   48
Gly Glu Asn Ser Gly Tyr Asn Val Ser Gly Gly Leu His Gly Val Gly
 1               5                  10                  15

gtg tcg gtg gtc aac gcg ctg tcc acc cga ctg gaa gtc gac atc aag   96
Val Ser Val Val Asn Ala Leu Ser Thr Arg Leu Glu Val Asp Ile Lys
                20              25                  30

cgc gac gga tac gag tgg tcg cag ttc tac gac cgc gcc cag ccg ggc   144
Arg Asp Gly Tyr Glu Trp Ser Gln Phe Tyr Asp Arg Ala Gln Pro Gly
            35              40              45

acc ctc aaa cag ggc gag gca acc aag aag acc gga acc acc atc cgg   192
Thr Leu Lys Gln Gly Glu Ala Thr Lys Lys Thr Gly Thr Thr Ile Arg
        50              55              60

ttc tgg gcc gac tcg gac atc ttt gag acc acc gaa tac gac ttc gag   240
Phe Trp Ala Asp Ser Asp Ile Phe Glu Thr Thr Glu Tyr Asp Phe Glu
65              70              75              80

acg gtg gcg cgg cgc ctg cag gag atg gcg ttc ctc aac aag ggc ctg   288
Thr Val Ala Arg Arg Leu Gln Glu Met Ala Phe Leu Asn Lys Gly Leu
                85              90              95

acc atc aac ctc acc gac gag cgg gtc acc ccg gac gag gtc gtc gac   336
Thr Ile Asn Leu Thr Asp Glu Arg Val Thr Pro Asp Glu Val Val Asp
                100             105             110

gac gtc gtc agt gat acc gcc gaa gca cca aag tcc gcc cag gag aag   384
Asp Val Val Ser Asp Thr Ala Glu Ala Pro Lys Ser Ala Gln Glu Lys
            115             120             125

gcc gcc gaa tcg acc gcg ccg cac aag gtc aag agc cgc acc ttc cac   432
Ala Ala Glu Ser Thr Ala Pro His Lys Val Lys Ser Arg Thr Phe His
            130             135             140

tat ccc ggc ggt ttg gtc gat ttc gtc aag cac atc aac cgc acc aag   480
Tyr Pro Gly Gly Leu Val Asp Phe Val Lys His Ile Asn Arg Thr Lys
145             150             155             160

agt ccg att cag cag agc atc gtc gac ttc gag ggc aag ggc tcc ggc   528
Ser Pro Ile Gln Gln Ser Ile Val Asp Phe Glu Gly Lys Gly Ser Gly
                165             170             175

cac gaa gtc gaa atc gcg atg cag tgg aac ggc ggc tac tcg gag tcg   576
His Glu Val Glu Ile Ala Met Gln Trp Asn Gly Gly Tyr Ser Glu Ser
                180             185             190

gtg cac acc ttc gcc aac acc atc aac acc cat gag ggt gga acg cac   624
Val His Thr Phe Ala Asn Thr Ile Asn Thr His Glu Gly Gly Thr His
```

49
50

```
                195                200                205
gaa gag ggc ttc cgc agt gcg ttg acc tcg gtg gtg aac aag tac gcc    672
Glu Glu Gly Phe Arg Ser Ala Leu Thr Ser Val Val Asn Lys Tyr Ala
    210                215                220
aaa gac aag aag ctg ctc aag gac aag gac ccc aac ctc acc ggt gac    720
Lys Asp Lys Lys Leu Leu Lys Asp Lys Asp Pro Asn Leu Thr Gly Asp
225                230                235                240
gac atc cgc gag ggg ttg gcc gcg gtc atc tcg gtg cgg gtg gca gag    768
Asp Ile Arg Glu Gly Leu Ala Ala Val Ile Ser Val Arg Val Ala Glu
                245                250                255
ccg cag ttc gag ggt cag acg aag acc aag ctg ggc aac acc gag gtc    816
Pro Gln Phe Glu Gly Gln Thr Lys Thr Lys Leu Gly Asn Thr Glu Val
                260                265                270
aag tcg ttt gtc cag aag gtt tgt aac gag cag ctc acc cac tgg ttc    864
Lys Ser Phe Val Gln Lys Val Cys Asn Glu Gln Leu Thr His Trp Phe
                275                280                285
gag gcc aat cct tcg gaa gcc aaa acc att gtg aac aag gcg gta tcc    912
Glu Ala Asn Pro Ser Glu Ala Lys Thr Ile Val Asn Lys Ala Val Ser
                290                295                300
tcg gcg cag gca cgt ctc gcc gcg cgc aag gcg cga gag ttg gtg cgt    960
Ser Ala Gln Ala Arg Leu Ala Ala Arg Lys Ala Arg Glu Leu Val Arg
305                310                315                320
cgc aag agc gca acc gat ctc ggt ggg ctg ccc ggc aag ttg gcc gac   1008
Arg Lys Ser Ala Thr Asp Leu Gly Gly Leu Pro Gly Lys Leu Ala Asp
                325                330                335
tgc cgc tcg aca gat ccg cgt aag tcg gaa ctg tat gtg gtg gag ggt   1056
Cys Arg Ser Thr Asp Pro Arg Lys Ser Glu Leu Tyr Val Val Glu Gly
                340                345                350
gac tcg gcc ggc ggc tcg gca aag agt ggc cgc gat tcg atg ttc cag   1104
Asp Ser Ala Gly Gly Ser Ala Lys Ser Gly Arg Asp Ser Met Phe Gln
                355                360                365
gcg atc ctg ccg ctg cgc ggc aag atc atc aat gtc gaa aag gca cgc   1152
Ala Ile Leu Pro Leu Arg Gly Lys Ile Ile Asn Val Glu Lys Ala Arg
                370                375                380
atc gac cga gtc ctg aaa aac act gaa gtc cag gcg atc atc acc gcg   1200
Ile Asp Arg Val Leu Lys Asn Thr Glu Val Gln Ala Ile Ile Thr Ala
385                390                395                400
ttg ggt acc ggt att cac gac gaa ttc gac ctc tcg aag ctg cgc tat   1248
Leu Gly Thr Gly Ile His Asp Glu Phe Asp Leu Ser Lys Leu Arg Tyr
                405                410                415
cac aag atc gtc ttg                                                1263
His Lys Ile Val Leu
                420
```

<210> 18
<211> 1257
<212> DNA
<213> Mycobacterium microti
<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1257)

<400> 18

```
tcg gac gcg tat gcg ata tct ggt ggt ctg cac ggc gtc ggc gtg tcg    48
Ser Asp Ala Tyr Ala Ile Ser Gly Gly Leu His Gly Val Gly Val Ser
 1               5                  10                  15

gtg gtt aac gcg cta tcc acc cgg ctc gaa gtc gag atc aag cgc gac    96
Val Val Asn Ala Leu Ser Thr Arg Leu Glu Val Glu Ile Lys Arg Asp
                20                  25                  30

ggg tat gag tgg tct cag gtt tat gag aag tcg gaa ccc ctg ggc ctc   144
Gly Tyr Glu Trp Ser Gln Val Tyr Glu Lys Ser Glu Pro Leu Gly Leu
            35                  40                  45

aag caa ggg gcg ccg acc aag aag acg ggg tca acg gtg cgg ttc tgg   192
Lys Gln Gly Ala Pro Thr Lys Lys Thr Gly Ser Thr Val Arg Phe Trp
        50                  55                  60

gcc gac ccc gct gtt ttc gaa acc acg gaa tac gac ttc gaa acc gtc   240
Ala Asp Pro Ala Val Phe Glu Thr Thr Glu Tyr Asp Phe Glu Thr Val
65                  70                  75                  80

gcc cgc cgg ctg caa gag atg gcg ttc ctc aac aag ggg ctg acc atc   288
Ala Arg Arg Leu Gln Glu Met Ala Phe Leu Asn Lys Gly Leu Thr Ile
                85                  90                  95

aac ctg acc gac gag agg gtg acc caa gac gag gtc gtc gac gaa gtg   336
Asn Leu Thr Asp Glu Arg Val Thr Gln Asp Glu Val Val Asp Glu Val
                100                 105                 110

gtc agc gac gtc gcc gag gcg ccg aag tcg gca agt gaa cgc gca gcc   384
Val Ser Asp Val Ala Glu Ala Pro Lys Ser Ala Ser Glu Arg Ala Ala
            115                 120                 125

gaa tcc act gca ccg cac aaa gtt aag agc cgc acc ttt cac tat ccg   432
Glu Ser Thr Ala Pro His Lys Val Lys Ser Arg Thr Phe His Tyr Pro
            130                 135                 140

ggt ggc ctg gtg gac ttc gtg aaa cac atc aac cgc acc aag aac gcg   480
Gly Gly Leu Val Asp Phe Val Lys His Ile Asn Arg Thr Lys Asn Ala
145                 150                 155                 160

att cat agc agc atc gtg gac ttt tcc ggc aag ggc acc ggg cac gag   528
Ile His Ser Ser Ile Val Asp Phe Ser Gly Lys Gly Thr Gly His Glu
                165                 170                 175

gtg gag atc gcg atg caa tgg aac gcc ggg tat tcg gag tcg gtg cac   576
Val Glu Ile Ala Met Gln Trp Asn Ala Gly Tyr Ser Glu Ser Val His
                180                 185                 190

acc ttc gcc aac acc atc aac acc cac gag ggc ggc acc cac gaa gag   624
Thr Phe Ala Asn Thr Ile Asn Thr His Glu Gly Gly Thr His Glu Glu
            195                 200                 205

ggc ttc cgc agc gcg ctg acg tcg gtg gtg aac aag tac gcc aag gac   672
Gly Phe Arg Ser Ala Leu Thr Ser Val Val Asn Lys Tyr Ala Lys Asp
            210                 215                 220

cgc aag cta ctg aag gac aag gac ccc aac ctc acc ggt gac gat atc   720
Arg Lys Leu Leu Lys Asp Lys Asp Pro Asn Leu Thr Gly Asp Asp Ile
225                 230                 235                 240

cgg gaa ggc ctg gcc gct gtg atc tcg gtg aag gtc agc gaa ccg cag   768
Arg Glu Gly Leu Ala Ala Val Ile Ser Val Lys Val Ser Glu Pro Gln
                245                 250                 255

ttc gag ggc cag acc aag acc aag ttg ggc aac acc gag gtc aaa tcg   816
```

53　　　　　　　　　　　　　　　　　　　54

```
            Phe Glu Gly Gln Thr Lys Thr Lys Leu Gly Asn Thr Glu Val Lys Ser
                      260             265             270

ttt gtg cag aag gtc tgt aac gaa cag ctg acc cac tgg ttt gaa gcc   864
Phe Val Gln Lys Val Cys Asn Glu Gln Leu Thr His Trp Phe Glu Ala
          275             280             285

aac ccc acc gac tcg aaa gtc gtt gtg aac aag gct gtg tcc tcg gcg   912
Asn Pro Thr Asp Ser Lys Val Val Val Asn Lys Ala Val Ser Ser Ala
          290             295             300

caa gcc cgt atc gcg gca cgt aag gca cga gag ttg gtg cgg cgt aag   960
Gln Ala Arg Ile Ala Ala Arg Lys Ala Arg Glu Leu Val Arg Arg Lys
305             310             315             320

agc gcc acc gac atc ggt gga ttg ccc ggc aag ctg gcc gat tgc cgt   1008
Ser Ala Thr Asp Ile Gly Gly Leu Pro Gly Lys Leu Ala Asp Cys Arg
                325             330             335

tcc acg gat ccg cgc aag tcc gaa ctg tat gtc gta gaa ggt gac tcg   1056
Ser Thr Asp Pro Arg Lys Ser Glu Leu Tyr Val Val Glu Gly Asp Ser
          340             345             350

gcc ggc ggt tct gca aaa agc ggt cgc gat tcg atg ttc cag gcg ata   1104
Ala Gly Gly Ser Ala Lys Ser Gly Arg Asp Ser Met Phe Gln Ala Ile
          355             360             365

ctt ccg ctg cgc ggc aag atc atc aat gtg gag aaa gcg cgc atc gac   1152
Leu Pro Leu Arg Gly Lys Ile Ile Asn Val Glu Lys Ala Arg Ile Asp
          370             375             380

cgg gtg cta aag aac acc gaa gtt cag gcg atc atc acg gcg ctg ggc   1200
Arg Val Leu Lys Asn Thr Glu Val Gln Ala Ile Ile Thr Ala Leu Gly
385             390             395             400

acc ggg atc cac gac gag ttc gat atc ggc aag ctg cgc tac cac aag   1248
Thr Gly Ile His Asp Glu Phe Asp Ile Gly Lys Leu Arg Tyr His Lys
                405             410             415

atc gtg ctg                                                        1257
Ile Val Leu
```

<210> 19
<211> 1263
<212> DNA
<213> Mycobacterium asiaticum
<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1263)
<400> 19

```
ggt gag aac agc ggc tac acc gtc agc ggt ggg ctg cac ggt gtc ggt   48
Gly Glu Asn Ser Gly Tyr Thr Val Ser Gly Gly Leu His Gly Val Gly
1               5               10              15

gtg tca gtg gtc aac gcg ttg tcg acc cga ctc gag gtc gac atc aag   96
Val Ser Val Val Asn Ala Leu Ser Thr Arg Leu Glu Val Asp Ile Lys
          20              25              30

cgc gac ggg cac gag tgg tcc cag tat tac gag cgc gcc gtt cct ggc   144
Arg Asp Gly His Glu Trp Ser Gln Tyr Tyr Glu Arg Ala Val Pro Gly
          35              40              45

acg ctc aag cag ggc gag gcg acc aag aag acc ggc acc acc atc cgg   192
Thr Leu Lys Gln Gly Glu Ala Thr Lys Lys Thr Gly Thr Thr Ile Arg
```

```
                50                    55                  60
ttc tgg gcg gac ccg gac atc ttc gag acc acc cag tac gac ttc gag   240
Phe Trp Ala Asp Pro Asp Ile Phe Glu Thr Thr Gln Tyr Asp Phe Glu
65                  70                  75                  80

acg gtg gcg cgc cgg ctc caa gag atg gcg ttc ctg aac aag ggc ttg   288
Thr Val Ala Arg Arg Leu Gln Glu Met Ala Phe Leu Asn Lys Gly Leu
                    85                  90                  95

acc atc aac ttg acc gac gag cgg gtg gac cag gac gag gtc gtc gat   336
Thr Ile Asn Leu Thr Asp Glu Arg Val Asp Gln Asp Glu Val Val Asp
                    100                 105                 110

gaa gtc gtc agc gac acc gcc gat gcg ccc aag tcc gcc gaa gag aag   384
Glu Val Val Ser Asp Thr Ala Asp Ala Pro Lys Ser Ala Glu Glu Lys
                    115                 120                 125

gcg gcc gaa tcc aaa gcg ccg cac aag gtt aag cac cgc acc ttc cac   432
Ala Ala Glu Ser Lys Ala Pro His Lys Val Lys His Arg Thr Phe His
                    130                 135                 140

tac ccc ggc ggc ttg gtc gac ttc gtc aag cac atc aac cgg acc aag   480
Tyr Pro Gly Gly Leu Val Asp Phe Val Lys His Ile Asn Arg Thr Lys
145                 150                 155                 160


agc ccg atc caa cag agc gtc atc gac ttc gag ggc aaa ggc acc ggc   528
Ser Pro Ile Gln Gln Ser Val Ile Asp Phe Glu Gly Lys Gly Thr Gly
                    165                 170                 175

cac gag gtc gag atc gcg atg cag tgg aac ggt ggc tac tcg gag tcg   576
His Glu Val Glu Ile Ala Met Gln Trp Asn Gly Gly Tyr Ser Glu Ser
                    180                 185                 190

gtg cac acc ttc gcc aac acg atc aac acc cac gag ggc ggt acg cac   624
Val His Thr Phe Ala Asn Thr Ile Asn Thr His Glu Gly Gly Thr His
                    195                 200                 205

gaa gaa ggg ttc cgc agt gcg ctg acg tcg gtg gtg aac aaa tac gcc   672
Glu Glu Gly Phe Arg Ser Ala Leu Thr Ser Val Val Asn Lys Tyr Ala
                    210                 215                 220

aaa gac aag aag ctg ctg aaa gac aag gac ccg aac ctc acc ggt gac   720
Lys Asp Lys Lys Leu Leu Lys Asp Lys Asp Pro Asn Leu Thr Gly Asp
225                 230                 235                 240

gac atc cgc gag gga ctg gcc gcg gtg atc tcg gtc aag gtc gcc gaa   768
Asp Ile Arg Glu Gly Leu Ala Ala Val Ile Ser Val Lys Val Ala Glu
                    245                 250                 255

ccc cag ttc gag ggc cag aca aag acc aag ctg ggc aac acc gag gtc   816
Pro Gln Phe Glu Gly Gln Thr Lys Thr Lys Leu Gly Asn Thr Glu Val
                    260                 265                 270


aag tcg ttc gtg cag aag gtg tgc aac gaa cag ctc acc cac tgg ttc   864
Lys Ser Phe Val Gln Lys Val Cys Asn Glu Gln Leu Thr His Trp Phe
                    275                 280                 285

gag gcc aat ccg tcg gaa gcc aaa acc gtt gtc aac aag gcg gtt tcg   912
Glu Ala Asn Pro Ser Glu Ala Lys Thr Val Val Asn Lys Ala Val Ser
                    290                 295                 300

tcc gca cag gcc cgg atc gcg gcg cgg aag gcc cga gag ttg gtg cgg   960
Ser Ala Gln Ala Arg Ile Ala Ala Arg Lys Ala Arg Glu Leu Val Arg
```

```
              305              310              315              320
     cgc aag agc gcg acc gat ttg ggc ggg ctg ccc ggc aag ctg gcc gac   1008
     Arg Lys Ser Ala Thr Asp Leu Gly Gly Leu Pro Gly Lys Leu Ala Asp
                      325              330              335
     tgc cgt tcc acc gac ccg cgc aag tcc gaa ctg tat gtg gtg gag ggt   1056
     Cys Arg Ser Thr Asp Pro Arg Lys Ser Glu Leu Tyr Val Val Glu Gly
                      340              345              350
     gac tcg gca ggt ggc tcg gcc aag agc ggc cgt gac tcg atg ttc cag   1104
     Asp Ser Ala Gly Gly Ser Ala Lys Ser Gly Arg Asp Ser Met Phe Gln
                  355              360              365
     gcc atc ctg ccg ctg cgc ggc aag atc atc aac gtc gag aag gcc cgc   1152
     Ala Ile Leu Pro Leu Arg Gly Lys Ile Ile Asn Val Glu Lys Ala Arg
          370              375              380
     atc gac cgg gtc ctg aag aac acc gaa gtc cag gcg atc atc acc gcg   1200
     Ile Asp Arg Val Leu Lys Asn Thr Glu Val Gln Ala Ile Ile Thr Ala
     385              390              395              400
     ctg ggt acc ggt att cac gac gag ttc gac att tct aaa ctg cgt tac   1248
     Leu Gly Thr Gly Ile His Asp Glu Phe Asp Ile Ser Lys Leu Arg Tyr
                      405              410              415
     cac aag atc gtg ttg                                                1263
     His Lys Ile Val Leu
                  420
```

<210> 20

<211> 1263

<212> DNA

<213> Mycobacterium scrofulceum

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1263)

<400> 20

```
     ggc gag aac agc ggc tac acc gtc agc ggt ggg ttg cac gga gtg ggc   48
     Gly Glu Asn Ser Gly Tyr Thr Val Ser Gly Gly Leu His Gly Val Gly
     1               5               10              15
     gtg tcg gtg gtc aac gcg ctg tcc acc cgc ctg gag gtc acc atc aag   96
     Val Ser Val Val Asn Ala Leu Ser Thr Arg Leu Glu Val Thr Ile Lys
                  20               25              30
     cgc gac ggg cac gag tgg ttt cag tac tac gac cgc gcc gtg ccc gga   144
     Arg Asp Gly His Glu Trp Phe Gln Tyr Tyr Asp Arg Ala Val Pro Gly
              35               40              45
     acc ctc aag cag ggc gag gcc acc aag aag acc gga acc acg atc agg   192
     Thr Leu Lys Gln Gly Glu Ala Thr Lys Lys Thr Gly Thr Thr Ile Arg
          50               55              60
     ttc tgg gcg gac ccc gaa atc ttc gaa acc aca cag tac gac ttc gag   240
     Phe Trp Ala Asp Pro Glu Ile Phe Glu Thr Thr Gln Tyr Asp Phe Glu
     65               70              75              80
     acc gtg gcg cgg cgg ctg cag gag atg gcc ttc ctc aac aag ggc ctc   288
     Thr Val Ala Arg Arg Leu Gln Glu Met Ala Phe Leu Asn Lys Gly Leu
                  85               90              95
     acc atc aac ctc acc gac gaa cga gtg gag cag gac gag gtc gtc gac   336
     Thr Ile Asn Leu Thr Asp Glu Arg Val Glu Gln Asp Glu Val Val Asp
```

```
                100               105               110
gag gtc gtc agc gac acc gcc gag gca ccg aag tcc gcc gaa gag aag    384
Glu Val Val Ser Asp Thr Ala Glu Ala Pro Lys Ser Ala Glu Glu Lys
          115               120               125
gcc gcg gaa tcg act gcg cca cac aag gtc aag cac cgc acc ttc cac    432
Ala Ala Glu Ser Thr Ala Pro His Lys Val Lys His Arg Thr Phe His
          130               135               140
tac ccc ggc ggt ctg gtc gac ttc gtc aag cac atc aac cgc acc aag    480
Tyr Pro Gly Gly Leu Val Asp Phe Val Lys His Ile Asn Arg Thr Lys
145               150               155               160
agc ccg atc cag cag agc gtc atc gat ttc gac ggc aag ggc acc ggc    528
Ser Pro Ile Gln Gln Ser Val Ile Asp Phe Asp Gly Lys Gly Thr Gly
                  165               170               175
cac gag gtc gag atc gcc atg cag tgg aac ggc ggc tac tcg gag tcc    576
His Glu Val Glu Ile Ala Met Gln Trp Asn Gly Gly Tyr Ser Glu Ser
              180               185               190
gtc cac acc ttc gcc aac acc atc aac acg cac gag ggc ggc acc cac    624
Val His Thr Phe Ala Asn Thr Ile Asn Thr His Glu Gly Gly Thr His
          195               200               205
gag gag ggc ttc cgc agc gcg ctg acg tcg gtg gtg aac aag tac gcc    672
Glu Glu Gly Phe Arg Ser Ala Leu Thr Ser Val Val Asn Lys Tyr Ala
          210               215               220
aaa gac aag aaa ctg ctg aag gac aaa gat ccc aac ctc acc ggt gac    720
Lys Asp Lys Lys Leu Leu Lys Asp Lys Asp Pro Asn Leu Thr Gly Asp
225               230               235               240
gac atc cgt gag ggc ttg gcc gcg gtc atc tcg gtg aag gtc gcc gag    768
Asp Ile Arg Glu Gly Leu Ala Ala Val Ile Ser Val Lys Val Ala Glu
                  245               250               255
cca cag ttc gaa ggc cag acc aag aca aag ctg ggc aac acc gag gtg    816
Pro Gln Phe Glu Gly Gln Thr Lys Thr Lys Leu Gly Asn Thr Glu Val


              260               265               270
aag tcg ttc gtg cag aag gtg tgc aac gag cag ctc acc cac tgg ttc    864
Lys Ser Phe Val Gln Lys Val Cys Asn Glu Gln Leu Thr His Trp Phe
              275               280               285
gag gcc aac cca tcc gag gcg aaa acg gtg gtg aac aaa gcg gtg tcg    912
Glu Ala Asn Pro Ser Glu Ala Lys Thr Val Val Asn Lys Ala Val Ser
          290               295               300
tcg gct cag gcg cgc att gcc gcc cgc aag gcg cgt gaa ctg gtg cgc    960
Ser Ala Gln Ala Arg Ile Ala Ala Arg Lys Ala Arg Glu Leu Val Arg
305               310               315               320
cgc aag agc gcc acc gac ctc ggc ggt ctg ccc ggg aag ctg gcc gac   1008
Arg Lys Ser Ala Thr Asp Leu Gly Gly Leu Pro Gly Lys Leu Ala Asp
                  325               330               335
tgc cgc tcc acc gac ccg cgg aaa tcg gaa ctg tat gtg gtg gag ggc   1056
Cys Arg Ser Thr Asp Pro Arg Lys Ser Glu Leu Tyr Val Val Glu Gly
              340               345               350
gat tcg gcc ggc ggc tcg gcc aag agc ggg cgc gac tcg atg ttc cag   1104
Asp Ser Ala Gly Gly Ser Ala Lys Ser Gly Arg Asp Ser Met Phe Gln
          355               360               365
```

61

62

```
gcg atc ctg ccg ctg cgc ggc aag atc atc aat gtc gag aag gcc cgc   1152
Ala Ile Leu Pro Leu Arg Gly Lys Ile Ile Asn Val Glu Lys Ala Arg
        370             375             380

atc gac cgg gtg ctg aag aac acc gaa gtt cag gcg atc atc acc gcg   1200
Ile Asp Arg Val Leu Lys Asn Thr Glu Val Gln Ala Ile Ile Thr Ala
385             390             395             400

ctg ggt acc ggg att cac gac gag ttc gac atc acc aag ctg cgc tat   1248
Leu Gly Thr Gly Ile His Asp Glu Phe Asp Ile Thr Lys Leu Arg Tyr
                405             410             415

cac aag atc gtg ctg                                                 1263
His Lys Ile Val Leu
                420
```

<210> 21

<211> 1260

<212> DNA

<213> Mycobacterium branderi

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1260)

<400> 21

```
ggc gat gac agc gcc tac gcg gtc tcg ggt ggt ctg cac ggc gtg ggc   48
Gly Asp Asp Ser Ala Tyr Ala Val Ser Gly Gly Leu His Gly Val Gly
1               5               10              15

gtg tcg gtg gtc aac gca ttg tcg act cga ctc gag gtg gag atc gcg   96
Val Ser Val Val Asn Ala Leu Ser Thr Arg Leu Glu Val Glu Ile Ala
                20              25              30

acc gac ggg tac gag tgg ttt cag cat tac gac cgc tct gtc ccc ggc   144
Thr Asp Gly Tyr Glu Trp Phe Gln His Tyr Asp Arg Ser Val Pro Gly
        35              40              45

acg ctc aag caa ggc gag aaa acc aaa aag acc ggc acc acg gtc cgc   192
Thr Leu Lys Gln Gly Glu Lys Thr Lys Lys Thr Gly Thr Thr Val Arg
        50              55              60

ttc tgg gcc gac ccg gac atc ttc gag acg acg gat tac gac ttc gag   240
Phe Trp Ala Asp Pro Asp Ile Phe Glu Thr Thr Asp Tyr Asp Phe Glu
65              70              75              80

acg gtc gca cgc cgg ctg cag gaa atg gcg ttc ctc aac aaa ggg ctg   288
Thr Val Ala Arg Arg Leu Gln Glu Met Ala Phe Leu Asn Lys Gly Leu
                85              90              95

acc atc aac ctg acc gac gag cgg gtg cga aac gaa gaa gtc gtc gac   336
Thr Ile Asn Leu Thr Asp Glu Arg Val Arg Asn Glu Glu Val Val Asp
                100             105             110

gag gtc gtc agc gac acc gcc gac gcg ccg aag tcg gcg cgc gaa gag   384
Glu Val Val Ser Asp Thr Ala Asp Ala Pro Lys Ser Ala Arg Glu Glu
                115             120             125

gcc gaa gaa cgg acc acg cag aaa gtc aag cac cgc acg ttc cat tac   432
Ala Glu Glu Arg Thr Thr Gln Lys Val Lys His Arg Thr Phe His Tyr
130             135             140

ccc ggc ggc ttg gtc gat ttc gtc aaa cac atc aac cgc aca aag aac   480
```

63　　　　　　　　　　　　　　　　　　64

Pro Gly Gly Leu Val Asp Phe Val Lys His Ile Asn Arg Thr Lys Asn
145　　　　　　　　150　　　　　　　　155　　　　　　　　160

ccc atc cat tcg agc atc gtc gac ttc tcc ggc aag ggt ccc ggc cac　　528
Pro Ile His Ser Ser Ile Val Asp Phe Ser Gly Lys Gly Pro Gly His
　　　　　　　　165　　　　　　　　170　　　　　　　　175

gag gtc gag atc gca atg cag tgg aac gcc ggc tat tcg gag tcg gtg　　576
Glu Val Glu Ile Ala Met Gln Trp Asn Ala Gly Tyr Ser Glu Ser Val
　　　　　　180　　　　　　　　185　　　　　　　　190

cac acc ttc gcc aac acc atc aac acc cac gag ggc ggc acc cac gaa　　624
His Thr Phe Ala Asn Thr Ile Asn Thr His Glu Gly Gly Thr His Glu
　　　　　195　　　　　　　　200　　　　　　　　205

gaa ggg ttc cgc gcg gca ctg acg tcc gtg gtg aac aag tac gcc aag　　672
Glu Gly Phe Arg Ala Ala Leu Thr Ser Val Val Asn Lys Tyr Ala Lys
　　　　210　　　　　　　　215　　　　　　　　220

gac cga aaa ctg ctg aag gac aag gac ccc aac ctc acc ggc gac gac　　720
Asp Arg Lys Leu Leu Lys Asp Lys Asp Pro Asn Leu Thr Gly Asp Asp
225　　　　　　　　230　　　　　　　　235　　　　　　　　240

att cgt gag ggc ctg gcg gcg gtc atc tcg gtc aag gtc agc gag ccg　　768
Ile Arg Glu Gly Leu Ala Ala Val Ile Ser Val Lys Val Ser Glu Pro
　　　　　　　　245　　　　　　　　250　　　　　　　　255

cag ttc gag ggc cag acc aaa acc aaa ctc ggc aac acc gaa gtc aag　　816
Gln Phe Glu Gly Gln Thr Lys Thr Lys Leu Gly Asn Thr Glu Val Lys
　　　　　　260　　　　　　　　265　　　　　　　　270

tcg ttt gtg cag aag gtc tgc aac gaa cag ctc acc cac tgg ttc gag　　864
Ser Phe Val Gln Lys Val Cys Asn Glu Gln Leu Thr His Trp Phe Glu
　　　　　275　　　　　　　　280　　　　　　　　285

gcc aat ccc agc gac gcc aag acc gtc gtc aac aaa gcg gtg tcg tcg　　912
Ala Asn Pro Ser Asp Ala Lys Thr Val Val Asn Lys Ala Val Ser Ser
　　　　290　　　　　　　　295　　　　　　　　300

gcg cag gcc cgc att gcc gcc cgc aaa gcg cga gaa ttg gtg cgc cgc　　960
Ala Gln Ala Arg Ile Ala Ala Arg Lys Ala Arg Glu Leu Val Arg Arg
305　　　　　　　　310　　　　　　　　315　　　　　　　　320

aag agc gca acc gat ctt ggc ggg ctg ccg ggc aag ctg gct gac tgc　1008
Lys Ser Ala Thr Asp Leu Gly Gly Leu Pro Gly Lys Leu Ala Asp Cys
　　　　　　　　325　　　　　　　　330　　　　　　　　335

cgc tcg acc gat cca cgc aag tcc gaa ttg tat gtg gtg gag ggt gat　1056
Arg Ser Thr Asp Pro Arg Lys Ser Glu Leu Tyr Val Val Glu Gly Asp
　　　　　　340　　　　　　　　345　　　　　　　　350

tcg gcc ggc ggc tcg gcc aag agc ggc cgc gac tcg atg ttt cag gcg　1104
Ser Ala Gly Gly Ser Ala Lys Ser Gly Arg Asp Ser Met Phe Gln Ala
　　　　　355　　　　　　　　360　　　　　　　　365

atc ctg ccg ttg cgg ggc aag atc atc aac gtg gag aag gcc cgc atc　1152
Ile Leu Pro Leu Arg Gly Lys Ile Ile Asn Val Glu Lys Ala Arg Ile
　　　　370　　　　　　　　375　　　　　　　　380

gac cgg gtg ctg aag aac act gag gtg cag gcg atc atc acc gcg ctg　1200
Asp Arg Val Leu Lys Asn Thr Glu Val Gln Ala Ile Ile Thr Ala Leu
385　　　　　　　　390　　　　　　　　395　　　　　　　　400

ggc acc ggg att cac gac gag ttc gac atc tcc aag ctg cgc tac cac　1248
Gly Thr Gly Ile His Asp Glu Phe Asp Ile Ser Lys Leu Arg Tyr His

```
                405              410              415
aag atc gtg ctg                                        1260
Lys Ile Val Leu
            420
```

<210> 22

<211> 1263

<212> DNA

<213> Mycobacterium paratuberculosis

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1263)

<400> 22

```
ggc gag aac agc ggc tac aac gtc agc ggc ggt ctg cac ggc gtc ggc   48
Gly Glu Asn Ser Gly Tyr Asn Val Ser Gly Gly Leu His Gly Val Gly
 1               5               10              15
gtc tcg gtg gtc aac gcg ctg tcc act cgg ctc gag gtc aac atc gcc   96
Val Ser Val Val Asn Ala Leu Ser Thr Arg Leu Glu Val Asn Ile Ala
                20              25              30
cgc gac ggc tac gag tgg tcg cag tac tac gac cac gcc gtg ccc ggc  144
Arg Asp Gly Tyr Glu Trp Ser Gln Tyr Tyr Asp His Ala Val Pro Gly
        35              40              45
acc ctc aag cag ggc gag gcc acc aag cgc acc ggc acc acc atc cgg  192
Thr Leu Lys Gln Gly Glu Ala Thr Lys Arg Thr Gly Thr Thr Ile Arg
        50              55              60
ttc tgg gcc gac ccc gac atc ttc gag acc acc gag tac gac ttc gaa  240
Phe Trp Ala Asp Pro Asp Ile Phe Glu Thr Thr Glu Tyr Asp Phe Glu
 65              70              75              80
acg gtg gcc cgg cgg ctg cag gaa atg gcg ttc ctc aac aag ggc ctg  288
Thr Val Ala Arg Arg Leu Gln Glu Met Ala Phe Leu Asn Lys Gly Leu
                85              90              95
acc atc aac ctc acc gac gag cgg gtg acc aac gaa gag gtc gtc gac  336
Thr Ile Asn Leu Thr Asp Glu Arg Val Thr Asn Glu Glu Val Val Asp
            100             105             110
gag gtg gtc agc gac acc gcc gac gca ccc aag tcg gcg cag gag aag  384
Glu Val Val Ser Asp Thr Ala Asp Ala Pro Lys Ser Ala Gln Glu Lys
            115             120             125
gcg gcg gaa tcg gct gcg ccg cat aag gtc aag cac cgc acc ttc cac  432
Ala Ala Glu Ser Ala Ala Pro His Lys Val Lys His Arg Thr Phe His
        130             135             140
tac ccc ggc ggc ctg gtc gac ttc gtc aaa cac atc aat cgc acc aaa  480
Tyr Pro Gly Gly Leu Val Asp Phe Val Lys His Ile Asn Arg Thr Lys
145             150             155             160
aac ccc atc cac cag agc atc atc gat ttc ggt ggg aag ggc ccc ggc  528
Asn Pro Ile His Gln Ser Ile Ile Asp Phe Gly Gly Lys Gly Pro Gly
            165             170             175
cac gag gtc gag atc gcg atg cag tgg aac ggc ggc tac tcc gaa tcg  576
His Glu Val Glu Ile Ala Met Gln Trp Asn Gly Gly Tyr Ser Glu Ser
            180             185             190
gtg cac acc ttc gcc aac acc atc aac acg cac gag ggc ggc acc cac  624
Val His Thr Phe Ala Asn Thr Ile Asn Thr His Glu Gly Gly Thr His
```

```
         195              200              205
gag gag ggc ttc cgc agc gcg ctg acc tcc gtg gtc aac aag tac gcc   672
Glu Glu Gly Phe Arg Ser Ala Leu Thr Ser Val Val Asn Lys Tyr Ala
    210              215              220
aag gac aag aag ctg ctc aag gac aag gac ccc aac ctg acc ggt gac   720
Lys Asp Lys Lys Leu Leu Lys Asp Lys Asp Pro Asn Leu Thr Gly Asp
225              230              235              240
gac atc cgc gag ggt ttg gcc gcg gtg atc tcg gtc aag gtg agc gaa   768
Asp Ile Arg Glu Gly Leu Ala Ala Val Ile Ser Val Lys Val Ser Glu
                 245              250              255
ccg cag ttc gag ggc cag acc aag acc aaa ctg ggc aac acc gag gtg   816
Pro Gln Phe Glu Gly Gln Thr Lys Thr Lys Leu Gly Asn Thr Glu Val
                 260              265              270
aag tcg ttc gtg cag aag gtg tgc aac gaa cag ctc acc cac tgg ttc   864
Lys Ser Phe Val Gln Lys Val Cys Asn Glu Gln Leu Thr His Trp Phe
                 275              280              285
gaa gcc aac ccc gca gac gcc aaa gtc att gtc aac aag gcg gtt tca   912
Glu Ala Asn Pro Ala Asp Ala Lys Val Ile Val Asn Lys Ala Val Ser
    290              295              300
tca gcg cag gcg cgc atc gcc gcg cgc aag gcg cga gag ttg gtg cgc   960
Ser Ala Gln Ala Arg Ile Ala Ala Arg Lys Ala Arg Glu Leu Val Arg
305              310              315              320
cgc aag agc gca acc gac ctg ggc ggg ctg ccc ggc aag ctc gcc gac  1008
Arg Lys Ser Ala Thr Asp Leu Gly Gly Leu Pro Gly Lys Leu Ala Asp
                 325              330              335
tgc cgg tcg acc gac ccg cgc aag tcg gaa ttg tat gtg gtc gag ggt  1056
Cys Arg Ser Thr Asp Pro Arg Lys Ser Glu Leu Tyr Val Val Glu Gly
                 340              345              350
gac tcg gcc ggc ggc tcg gcg aaa agc ggc cgg gac tcg atg ttc cag  1104
Asp Ser Ala Gly Gly Ser Ala Lys Ser Gly Arg Asp Ser Met Phe Gln
    355              360              365

gcc atc ctt ccg ctg cgc ggc aag atc atc aac gtc gaa aag gcc cgc  1152
Ala Ile Leu Pro Leu Arg Gly Lys Ile Ile Asn Val Glu Lys Ala Arg
    370              375              380
atc gac cgg gtg ctg aag aac acc gag gtg cag gcg atc atc acc gcg  1200
Ile Asp Arg Val Leu Lys Asn Thr Glu Val Gln Ala Ile Ile Thr Ala
385              390              395              400
ctg ggc acc ggg att cac gac gag ttc gac atc acc aag ctg cgc tac  1248
Leu Gly Thr Gly Ile His Asp Glu Phe Asp Ile Thr Lys Leu Arg Tyr
                 405              410              415
cac aag atc gtg ttg                                              1263
His Lys Ile Val Leu
           420
```

<210> 23
<211> 421
<212> PRT
<213> Mycobacterium simiae
<400> 23
Gly Glu Asn Ser Gly Tyr Thr Val Ser Gly Gly Leu His Gly Val Gly

69

70

```
       1                  5                  10                 15
      Val Ser Val Val Asn Ala Leu Ser Thr Arg Leu Glu Val Asn Val Lys
                20                 25                 30

      Arg Asp Gly Tyr Glu Trp Phe Gln Tyr Tyr Asp Arg Ala Val Pro Gly
                35                 40                 45
      Thr Leu Lys Gln Gly Glu Ala Thr Lys Lys Thr Gly Thr Thr Ile Arg
                50                 55                 60
      Phe Trp Ala Asp Pro Glu Ile Phe Glu Thr Thr Gln Tyr Asp Phe Glu
                65                 70                 75                 80
      Thr Val Ala Arg Arg Leu Gln Glu Met Ala Phe Leu Asn Lys Gly Leu
                          85                 90                 95
      Thr Ile Asn Leu Thr Asp Glu Arg Val Glu Gln Asp Glu Val Val Asp
                100                105                110
      Glu Val Val Ser Asp Thr Ala Glu Ala Pro Lys Ser Ala Glu Glu Gln
                115                120                125
      Ala Ala Glu Ser Ala Lys Pro His Lys Val Lys His Arg Thr Phe His
                130                135                140
      Tyr Pro Gly Gly Leu Val Asp Phe Val Lys His Ile Asn Arg Thr Lys
      145                150                155                160
      Asn Pro Ile Gln Gln Ser Val Ile Asp Phe Asp Gly Lys Gly Thr Gly
                165                170                175
      His Glu Val Glu Ile Ala Met Gln Trp Asn Gly Gly Tyr Ser Glu Ser
                180                185                190

      Val His Thr Phe Ala Asn Thr Ile Asn Thr His Glu Gly Gly Thr His
                195                200                205
      Glu Glu Gly Phe Arg Ser Ala Leu Thr Ser Val Val Asn Lys Tyr Ala
      210                215                220
      Lys Asp Lys Lys Leu Leu Lys Asp Lys Asp Pro Asn Leu Thr Gly Asp
      225                230                235                240
      Asp Ile Arg Glu Gly Leu Ala Ala Val Ile Ser Val Lys Val Ala Glu
                          245                250                255
      Pro Gln Phe Glu Gly Gln Thr Lys Thr Lys Leu Gly Asn Thr Glu Val
                260                265                270
      Lys Ser Phe Val Gln Lys Val Cys Asn Glu Gln Leu Thr His Trp Phe
                275                280                285
      Glu Ala Asn Pro Ser Glu Ala Lys Thr Val Val Asn Lys Ala Val Ser
                290                295                300
      Ser Ala Gln Ala Arg Ile Ala Ala Arg Lys Ala Arg Glu Leu Val Arg
      305                310                315                320
      Arg Lys Ser Ala Thr Asp Leu Gly Gly Leu Pro Gly Lys Leu Ala Asp
                          325                330                335
      Cys Arg Ser Thr Asp Pro Arg Lys Ser Glu Leu Tyr Val Val Glu Gly
                340                345                350
      Asp Ser Ala Gly Gly Ser Ala Lys Ser Gly Arg Asp Ser Met Phe Gln
                355                360                365
      Ala Ile Leu Pro Leu Arg Gly Lys Ile Ile Asn Val Glu Lys Ala Arg
      370                375                380
      Ile Asp Arg Val Leu Lys Asn Thr Glu Val Gln Ala Ile Ile Thr Ala
```

```
385                 390                 395                 400
Leu Gly Thr Gly Ile His Asp Glu Phe Asp Ile Thr Lys Leu Arg Tyr
                405                 410                 415
His Lys Ile Val Leu
                420
```

<210> 24

<211> 419

<212> PRT

<213> Mycobacterium bovis

<400> 24

```
Ser Asp Ala Tyr Ala Ile Ser Gly Gly Leu His Gly Val Gly Val Ser
 1               5                   10                  15
Val Val Asn Ala Leu Ser Thr Arg Leu Glu Val Glu Ile Lys Arg Asp
                20                  25                  30

Gly Tyr Glu Trp Ser Gln Val Tyr Glu Lys Ser Glu Pro Leu Gly Leu
                35                  40                  45
Lys Gln Gly Ala Pro Thr Lys Lys Thr Gly Ser Thr Val Arg Phe Trp
                50                  55                  60
Ala Asp Pro Ala Val Phe Glu Thr Thr Glu Tyr Asp Phe Glu Thr Val
65                  70                  75                  80
Ala Arg Arg Leu Gln Glu Met Ala Phe Leu Asn Lys Gly Leu Thr Ile
                85                  90                  95
Asn Leu Thr Asp Glu Arg Val Thr Gln Asp Glu Val Val Asp Glu Val
                100                 105                 110
Val Ser Asp Val Ala Glu Ala Pro Lys Ser Ala Ser Glu Arg Ala Ala
                115                 120                 125
Glu Ser Thr Ala Pro His Lys Val Lys Ser Arg Thr Phe His Tyr Pro
                130                 135                 140
Gly Gly Leu Val Asp Phe Val Lys His Ile Asn Arg Thr Lys Asn Ala
145                 150                 155                 160
Ile His Ser Ser Ile Val Asp Phe Ser Gly Lys Gly Thr Gly His Glu
                165                 170                 175
Val Glu Ile Ala Met Gln Trp Asn Ala Gly Tyr Ser Glu Ser Val His
                180                 185                 190

Thr Phe Ala Asn Thr Ile Asn Thr His Glu Gly Gly Thr His Glu Glu
                195                 200                 205
Gly Phe Arg Ser Ala Leu Thr Ser Val Val Asn Lys Tyr Ala Lys Asp
                210                 215                 220
Arg Lys Leu Leu Lys Asp Lys Asp Pro Asn Leu Thr Gly Asp Asp Ile
225                 230                 235                 240
Arg Glu Gly Leu Ala Ala Val Ile Ser Val Lys Val Ser Glu Pro Gln
                245                 250                 255
Phe Glu Gly Gln Thr Lys Thr Lys Leu Gly Asn Thr Glu Val Lys Ser
                260                 265                 270
Phe Val Gln Lys Val Cys Asn Glu Gln Leu Thr His Trp Phe Glu Ala
                275                 280                 285
Asn Pro Thr Asp Ser Lys Val Val Val Asn Lys Ala Val Ser Ser Ala
290                 295                 300
```

Gln Ala Arg Ile Ala Ala Arg Lys Ala Arg Glu Leu Val Arg Arg Lys
305　　　　　　　310　　　　　　　315　　　　　　　320

Ser Ala Thr Asp Ile Gly Gly Leu Pro Gly Lys Leu Ala Asp Cys Arg
　　　325　　　　　　　330　　　　　　　335

Ser Thr Asp Pro Arg Lys Ser Glu Leu Tyr Val Val Glu Gly Asp Ser
　　　340　　　　　　　345　　　　　　　350

Ala Gly Gly Ser Ala Lys Ser Gly Arg Asp Ser Met Phe Gln Ala Ile
　　　355　　　　　　　360　　　　　　　365

Leu Pro Leu Arg Gly Lys Ile Ile Asn Val Glu Lys Ala Arg Ile Asp
　　370　　　　　　　375　　　　　　　380

Arg Val Leu Lys Asn Thr Glu Val Gln Ala Ile Ile Thr Ala Leu Gly
385　　　　　　　390　　　　　　　395　　　　　　　400

Thr Gly Ile His Asp Glu Phe Asp Ile Gly Lys Leu Arg Tyr His Lys
　　　　405　　　　　　　410　　　　　　　415

Ile Val Leu

<210> 25

<211> 421

<212> PRT

<213> Mycobacterium szulgai

<400> 25

Gly Glu Asn Ser Gly Tyr Asn Val Ser Gly Gly Leu His Gly Val Gly
1　　　　　　　5　　　　　　　10　　　　　　　15

Val Ser Val Val Asn Ala Leu Ser Thr Arg Leu Glu Val Asp Ile Lys
　　　20　　　　　　　25　　　　　　　30

Arg Asp Gly His Lys Trp Ser Gln Phe Tyr Asn Lys Ala Val Pro Gly
　　　35　　　　　　　40　　　　　　　45

Thr Leu Lys Gln Gly Glu Ala Thr Lys Lys Thr Gly Thr Thr Ile Arg
　　　50　　　　　　　55　　　　　　　60

Phe Trp Ala Asp Pro Asp Ile Phe Glu Thr Thr Glu Tyr Asp Phe Glu
65　　　　　　　70　　　　　　　75　　　　　　　80

Thr Val Ala Arg Arg Leu Gln Glu Met Ala Phe Leu Asn Lys Gly Leu
　　　　85　　　　　　　90　　　　　　　95

Thr Ile Asn Leu Thr Asp Glu Arg Val Ala Gln Asp Glu Val Val Asp
　　　　100　　　　　　　105　　　　　　　110

Glu Val Val Ser Asp Thr Ala Glu Ala Pro Lys Ser Ala Glu Glu Lys
　　　115　　　　　　　120　　　　　　　125

Ala Ala Glu Ser Lys Gly Pro His Lys Val Lys His Arg Thr Phe His
　　130　　　　　　　135　　　　　　　140

Tyr Pro Gly Gly Leu Ile Asp Phe Val Lys His Ile Asn Arg Thr Lys
145　　　　　　　150　　　　　　　155　　　　　　　160

Ser Pro Ile Gln Gln Ser Val Val Ala Phe Asp Gly Lys Gly Glu Gly
　　　　165　　　　　　　170　　　　　　　175

His Glu Val Glu Ile Ala Met Gln Trp Asn Gly Gly Tyr Ser Glu Ser
　　　180　　　　　　　185　　　　　　　190

Val His Thr Phe Ala Asn Thr Ile Asn Thr His Glu Gly Gly Thr His
　　　195　　　　　　　200　　　　　　　205

Glu Glu Gly Phe Arg Ser Ala Leu Thr Ser Val Val Asn Lys Tyr Ala
　　210　　　　　　　215　　　　　　　220

Lys Asp Lys Lys Leu Leu Lys Glu Lys Asp Ala Asn Leu Thr Gly Asp
225　　　　　　　230　　　　　　　235　　　　　　　240

75
76

Asp Ile Arg Glu Gly Leu Ala Ala Val Ile Ser Val Lys Val Ala Glu
             245   250   255

Pro Gln Phe Glu Gly Gln Thr Lys Thr Lys Leu Gly Asn Thr Glu Val
             260   265   270

Lys Ser Phe Val Gln Lys Val Cys Asn Glu Gln Leu Thr His Trp Phe
             275   280   285

Glu Ala Asn Pro Ser Glu Ala Lys Thr Val Val Asn Lys Ala Val Ser
             290   295   300

Ser Ala Gln Ala Arg Ile Ala Ala Arg Lys Ala Arg Glu Leu Val Arg
305   310   315   320

Arg Lys Ser Ala Thr Asp Leu Gly Gly Leu Pro Gly Lys Leu Ala Asp
             325   330   335

Cys Arg Ser Thr Asp Pro Arg Lys Ser Glu Leu Tyr Val Val Glu Gly
             340   345   350

Asp Ser Ala Gly Gly Ser Ala Lys Ser Gly Arg Asp Ser Met Phe Gln
             355   360   365

Ala Ile Leu Pro Leu Arg Gly Lys Ile Ile Asn Val Glu Lys Ala Arg
             370   375   380

Ile Asp Arg Val Leu Lys Asn Thr Glu Val Gln Ala Ile Ile Thr Ala
385   390   395   400

Leu Gly Thr Gly Ile His Asp Glu Phe Asp Leu Ala Lys Leu Arg Tyr
             405   410   415

His Lys Ile Val Leu
             420

<210> 26

<211> 421

<212> PRT

<213> Mycobacterium malmoense

<400> 26

Gly Glu Asn Ser Gly Tyr Asn Val Ser Gly Gly Leu His Gly Val Gly
   1   5   10   15

Val Ser Val Val Asn Ala Leu Ser Thr Arg Leu Glu Val Asp Val Ala
             20   25   30

Arg Asp Gly Tyr Met Trp Ser Gln Phe Tyr Asp His Ala Glu Pro Gly
             35   40   45

Thr Leu Lys Gln Gly Glu Ala Thr Lys Thr Thr Gly Thr Thr Ile Arg
             50   55   60

Phe Trp Ala Asp Pro Asp Ile Phe Glu Thr Thr Glu Tyr Asp Phe Glu
65   70   75   80

Thr Val Ala Arg Arg Leu Gln Glu Met Ala Phe Leu Asn Lys Gly Leu
             85   90   95

Thr Ile Asn Leu Thr Asp Glu Arg Val Ser Glu Glu Glu Val Val Asp
             100   105   110

Asp Val Val Ser Asp Thr Ala Glu Ala Pro Lys Ser Ala Val Glu Lys
             115   120   125

Ala Ala Glu Ser Thr Gly Pro His Lys Val Lys His Arg Thr Phe His
             130   135   140

Tyr Pro Gly Gly Leu Val Asp Phe Val Lys His Ile Asn Arg Thr Lys
145   150   155   160

Asn Pro Ile His Asn Ser Ile Val Asp Phe Ser Gly Lys Gly Pro Gly

```
                165              170              175
His Glu Val Glu Ile Ala Met Gln Trp Asn Ala Gly Tyr Ser Glu Ser
          180              185              190
Val His Thr Phe Ala Asn Thr Ile Asn Thr His Glu Gly Gly Thr His
      195              200              205
Glu Glu Gly Phe Arg Ser Ala Leu Thr Ser Val Val Asn Lys Tyr Ala
  210              215              220
Lys Asp Arg Lys Leu Leu Lys Asp Lys Asp Pro Asn Leu Thr Gly Asp
225              230              235              240
Asp Ile Arg Glu Gly Leu Ala Ala Val Ile Ser Val Lys Val Ser Glu
              245              250              255
Pro Gln Phe Glu Gly Gln Thr Lys Thr Lys Leu Gly Asn Thr Glu Val
          260              265              270
Lys Ser Phe Val Gln Lys Val Cys Asn Glu Gln Leu Thr His Trp Phe
      275              280              285
Glu Ala Asn Pro Ala Asp Ala Lys Thr Val Val Asn Lys Ala Val Ser
  290              295              300
Ser Ala Gln Ala Arg Ile Ala Ala Arg Lys Ala Arg Glu Leu Val Arg
305              310              315              320
Arg Lys Ser Ala Thr Asp Leu Gly Gly Leu Pro Gly Lys Leu Ala Asp
              325              330              335
Cys Arg Ser Thr Asp Pro Arg Lys Ser Glu Leu Tyr Val Val Glu Gly
          340              345              350
Asp Ser Ala Gly Gly Ser Ala Lys Ser Gly Arg Asp Ser Met Phe Gln
      355              360              365
Ala Ile Leu Pro Leu Arg Gly Lys Ile Ile Asn Val Glu Lys Ala Arg
  370              375              380
Ile Asp Arg Val Leu Lys Asn Thr Glu Val Gln Ala Ile Ile Thr Ala
385              390              395              400
Leu Gly Thr Gly Ile His Asp Glu Phe Asp Ile Thr Lys Leu Arg Tyr
              405              410              415
His Lys Ile Val Leu
          420
```

```
<210> 27
<211> 421
<212> PRT
<213> Mycobacterium intracellulare
<400> 27
```

```
Gly Glu Asn Ser Gly Tyr Asn Val Ser Gly Gly Leu His Gly Val Gly
  1               5              10              15
Val Ser Val Val Asn Ala Leu Ser Thr Arg Leu Glu Val Asp Ile Ala
          20              25              30
Arg Asp Gly Tyr Glu Trp Ser Gln Phe Tyr Asp His Ala Val Pro Gly
      35              40              45
Thr Leu Lys Gln Gly Glu Ala Thr Lys Arg Thr Gly Thr Thr Ile Arg
  50              55              60
Phe Trp Ala Asp Pro Asp Ile Phe Glu Thr Thr Glu Tyr Asp Phe Glu
65              70              75              80
Thr Val Ala Arg Arg Leu Gln Glu Met Ala Phe Leu Asn Lys Gly Leu
          85              90              95
```

Thr Ile Asn Leu Thr Asp Glu Arg Val Ser Asn Glu Glu Val Val Asp
　　　　　　100　　　　　　　　　　105　　　　　　　　　110

Glu Val Val Ser Asp Thr Ala Asp Ala Pro Lys Ser Ala Gln Glu Lys
　　　　　　115　　　　　　　　　　120　　　　　　　　　125

Ala Ala Glu Ser Thr Ala Pro His Lys Val Lys His Arg Thr Phe His
　　　　　　130　　　　　　　　　　135　　　　　　　　　140

Tyr Pro Gly Gly Leu Val Asp Phe Val Lys His Ile Asn Arg Thr Lys
145　　　　　　　　　　150　　　　　　　　　155　　　　　　　　　160

Ser Pro Ile Gln Gln Ser Ile Ile Asp Phe Asp Gly Lys Gly Pro Gly
　　　　　　165　　　　　　　　　　170　　　　　　　　　175

His Glu Val Glu Ile Ala Met Gln Trp Asn Gly Gly Tyr Ser Glu Ser
　　　　　　180　　　　　　　　　　185　　　　　　　　　190

Val His Thr Phe Ala Asn Thr Ile Asn Thr His Glu Gly Gly Thr His
　　　　　　195　　　　　　　　　　200　　　　　　　　　205

Glu Glu Gly Phe Arg Ser Ala Leu Thr Ser Val Val Asn Lys Tyr Ala
　　　　　　210　　　　　　　　　　215　　　　　　　　　220

Lys Asp Lys Lys Leu Leu Lys Asp Lys Asp Pro Asn Leu Thr Gly Asp
225　　　　　　　　　　230　　　　　　　　　235　　　　　　　　　240

Asp Ile Arg Glu Gly Leu Ala Ala Val Ile Ser Val Lys Val Ser Glu
　　　　　　245　　　　　　　　　　250　　　　　　　　　255

Pro Gln Phe Glu Gly Gln Thr Lys Thr Lys Leu Gly Asn Thr Glu Val
　　　　　　260　　　　　　　　　　265　　　　　　　　　270

Lys Ser Phe Val Gln Lys Val Cys Asn Glu Gln Leu Thr His Trp Phe
　　　　　　275　　　　　　　　　　280　　　　　　　　　285

Glu Ala Asn Pro Ala Asp Ala Lys Val Val Val Asn Lys Ala Val Ser
　　　　　　290　　　　　　　　　　295　　　　　　　　　300

Ser Ala Gln Ala Arg Ile Ala Ala Arg Lys Ala Arg Glu Leu Val Arg
305　　　　　　　　　　310　　　　　　　　　315　　　　　　　　　320

Arg Lys Ser Ala Thr Asp Leu Gly Gly Leu Pro Gly Lys Leu Ala Asp
　　　　　　325　　　　　　　　　　330　　　　　　　　　335

Cys Arg Ser Thr Asp Pro Arg Lys Ser Glu Leu Tyr Val Val Glu Gly
　　　　　　340　　　　　　　　　　345　　　　　　　　　350

Asp Ser Ala Gly Gly Ser Ala Lys Ser Gly Arg Asp Ser Met Phe Gln
　　　　　　355　　　　　　　　　　360　　　　　　　　　365

Ala Ile Leu Pro Leu Arg Gly Lys Ile Ile Asn Val Glu Lys Ala Arg
　　　　　　370　　　　　　　　　　375　　　　　　　　　380

Ile Asp Arg Val Leu Lys Asn Thr Glu Val Gln Ala Ile Ile Thr Ala
385　　　　　　　　　　390　　　　　　　　　395　　　　　　　　　400

Leu Gly Thr Gly Ile His Asp Glu Phe Asp Ile Thr Lys Leu Arg Tyr
　　　　　　405　　　　　　　　　　410　　　　　　　　　415

His Lys Ile Val Leu
　　　　　　420

<210> 28

<211> 421

<212> PRT

<213> Mycobacterium avium

<400> 28

Gly Glu Asn Ser Gly Tyr Asn Val Ser Gly Gly Leu His Gly Val Gly
1　　　　　　　　　　5　　　　　　　　　10　　　　　　　　　15

Val Ser Val Val Asn Ala Leu Ser Thr Arg Leu Glu Val Asn Ile Ala

81
82

```
                20                    25                    30
Arg Asp Gly Tyr Glu Trp Ser Gln Tyr Tyr Asp His Ala Val Pro Gly
       35                    40                    45
Thr Leu Lys Gln Gly Glu Ala Thr Lys Arg Thr Gly Thr Thr Ile Arg
    50                    55                    60
Phe Trp Ala Asp Pro Asp Ile Phe Glu Thr Thr Glu Tyr Asp Phe Glu
 65                    70                    75                    80
Thr Val Ala Arg Arg Leu Gln Glu Met Ala Phe Leu Asn Lys Gly Leu
                  85                    90                    95
Thr Ile Asn Leu Thr Asp Glu Arg Val Thr Asn Glu Glu Val Val Asp
                100                   105                   110
Glu Val Val Ser Asp Thr Ala Asp Ala Pro Lys Ser Ala Gln Glu Lys
          115                   120                   125
Ala Ala Glu Ser Ala Ala Pro His Lys Val Lys His Arg Thr Phe His
    130                   135                   140
Tyr Pro Gly Gly Leu Val Asp Phe Val Lys His Ile Asn Arg Thr Lys
 145                   150                   155                   160
Asn Pro Ile His Gln Ser Ile Ile Asp Phe Gly Gly Lys Gly Pro Gly
                165                   170                   175
His Glu Val Glu Ile Ala Met Gln Trp Asn Gly Gly Tyr Ser Glu Ser
             180                   185                   190
Val His Thr Phe Ala Asn Thr Ile Asn Thr His Glu Gly Gly Thr His
       195                   200                   205
Glu Glu Gly Phe Arg Ser Ala Leu Thr Ser Val Val Asn Lys Tyr Ala
       210                   215                   220
Lys Asp Lys Lys Leu Leu Lys Asp Lys Asp Pro Asn Leu Thr Gly Asp
 225                   230                   235                   240
Asp Ile Arg Glu Gly Leu Ala Ala Val Ile Ser Val Lys Val Ser Glu
                245                   250                   255
Pro Gln Phe Glu Gly Gln Thr Lys Thr Lys Leu Gly Asn Thr Glu Val
          260                   265                   270
Lys Ser Phe Val Gln Lys Val Cys Asn Glu Gln Leu Thr His Trp Phe
       275                   280                   285
Glu Ala Asn Pro Ala Asp Ala Lys Val Ile Val Asn Lys Ala Val Ser
    290                   295                   300
Ser Ala Gln Ala Arg Ile Ala Ala Arg Lys Ala Arg Glu Leu Val Arg
 305                   310                   315                   320
Arg Lys Ser Ala Thr Asp Leu Gly Gly Leu Pro Gly Lys Leu Ala Asp
                325                   330                   335
Cys Arg Ser Thr Asp Pro Arg Lys Ser Glu Leu Tyr Val Val Glu Gly
             340                   345                   350
Asp Ser Ala Gly Gly Ser Ala Lys Ser Gly Arg Asp Ser Met Phe Gln
       355                 360                   365
Ala Ile Leu Pro Leu Arg Gly Lys Ile Ile Asn Val Glu Lys Ala Arg
    370                   375                   380
Ile Asp Arg Val Leu Lys Asn Thr Glu Val Gln Ala Ile Ile Thr Ala
 385                   390                   395                   400
Leu Gly Thr Gly Ile His Asp Glu Phe Asp Ile Thr Lys Leu Arg Tyr
             405                   410                   415
His Lys Ile Val Leu
```

420

<210> 29
<211> 421
<212> PRT
<213> Mycobacterium gordonae
<400> 29

```
Gly Glu Asn Ser Gly Tyr Thr Val Ser Gly Gly Leu His Gly Val Gly
1               5                   10                  15

Val Ser Val Val Asn Ala Leu Ser Thr Arg Leu Glu Val Asp Ile Lys
                20                  25                  30

Arg Asp Gly His Glu Trp Ser Gln Tyr Tyr Lys Arg Ala Val Pro Gly
            35                  40                  45

Thr Leu Lys Gln Gly Glu Thr Thr Arg Lys Thr Gly Thr Thr Ile Arg
        50                  55                  60

Phe Trp Ala Asp Pro Glu Ile Phe Glu Thr Thr Gln Tyr Asp Phe Glu
65                  70                  75                  80

Thr Val Ala Arg Arg Leu Gln Glu Met Ala Phe Leu Asn Lys Gly Leu
                85                  90                  95

Thr Ile Asn Leu Thr Asp Glu Arg Val Glu Gln Asp Glu Val Val Asp
                100                 105                 110

Glu Val Val Ser Asp Thr Ala Glu Ala Pro Lys Ser Ala Glu Glu Lys
            115                 120                 125

Ala Ala Glu Ser Lys Ala Pro His Lys Val Lys Gln Arg Thr Phe His
        130                 135                 140

Tyr Pro Gly Gly Leu Val Asp Phe Val Lys His Ile Asn Arg Thr Lys
145                 150                 155                 160

Ser Pro Ile Gln Gln Ser Val Ile Asp Phe Glu Gly Lys Gly Thr Gly
                165                 170                 175

His Glu Val Glu Ile Ala Met Gln Trp Asn Gly Gly Tyr Ser Glu Ser
            180                 185                 190

Val His Thr Phe Ala Asn Thr Ile Asn Thr His Glu Gly Gly Thr His
            195                 200                 205

Glu Glu Gly Phe Arg Ser Ala Leu Thr Ser Val Val Asn Lys Tyr Ala
        210                 215                 220

Lys Asp Lys Lys Leu Leu Lys Glu Lys Asp Pro Asn Leu Thr Gly Asp
225                 230                 235                 240

Asp Ile Arg Glu Gly Leu Ala Ala Val Ile Ser Val Lys Val Ala Glu
                245                 250                 255

Pro Gln Phe Glu Gly Gln Thr Lys Thr Lys Leu Gly Asn Thr Glu Val
                260                 265                 270

Lys Ser Phe Val Gln Lys Val Cys Asn Glu Gln Leu Thr His Trp Phe
            275                 280                 285

Glu Ala Asn Pro Ser Glu Ala Lys Thr Val Val Asn Lys Ala Val Ser
        290                 295                 300

Ser Ala Gln Ala Arg Ile Ala Ala Arg Lys Ala Arg Glu Leu Val Arg
305                 310                 315                 320

Arg Lys Ser Ala Thr Asp Leu Gly Gly Leu Pro Gly Lys Leu Ala Asp
                325                 330                 335
```

85

86

Cys Arg Ser Thr Asp Pro Arg Lys Ser Glu Leu Tyr Val Val Glu Gly
        340   345   350

Asp Ser Ala Gly Gly Ser Ala Lys Ser Gly Arg Asp Ser Met Phe Gln
        355   360   365

Ala Ile Leu Pro Leu Arg Gly Lys Ile Ile Asn Val Glu Lys Ala Arg
        370   375   380

Ile Asp Arg Val Leu Lys Asn Thr Glu Val Gln Ala Ile Ile Thr Ala
385   390   395   400

Leu Gly Thr Gly Ile His Asp Glu Phe Asp Ile Thr Lys Leu Arg Tyr
            405   410   415

His Lys Ile Val Leu
            420

<210> 30

<211> 419

<212> PRT

<213> Mycobacterium africanum

<400> 30

Ser Asp Ala Tyr Ala Ile Ser Gly Gly Leu His Gly Val Gly Val Ser
1   5   10   15

Val Val Asn Ala Leu Ser Thr Arg Leu Glu Val Glu Ile Lys Arg Asp
            20   25   30

Gly Tyr Glu Trp Ser Gln Val Tyr Glu Lys Ser Glu Pro Leu Gly Leu
        35   40   45

Lys Gln Gly Ala Pro Thr Lys Lys Thr Gly Ser Thr Val Arg Phe Trp
        50   55   60

Ala Asp Pro Ala Val Phe Glu Thr Thr Glu Tyr Asp Phe Glu Thr Val
65   70   75   80

Ala Arg Arg Leu Gln Glu Met Ala Phe Leu Asn Lys Gly Leu Thr Ile
                85   90   95

Asn Leu Thr Asp Glu Arg Val Thr Gln Asp Glu Val Val Asp Glu Val
            100   105   110

Val Ser Asp Val Ala Glu Ala Pro Lys Ser Ala Ser Glu Arg Ala Ala
        115   120   125

Glu Ser Thr Ala Pro His Lys Val Lys Ser Arg Thr Phe His Tyr Pro
        130   135   140

Gly Gly Leu Val Asp Phe Val Lys His Ile Asn Arg Thr Lys Asn Ala
145   150   155   160

Ile His Ser Ser Ile Val Asp Phe Ser Gly Lys Gly Thr Gly His Glu
                165   170   175

Val Glu Ile Ala Met Gln Trp Asn Ala Gly Tyr Ser Glu Ser Val His
            180   185   190

Thr Phe Ala Asn Thr Ile Asn Thr His Glu Gly Gly Thr His Glu Glu
        195   200   205

Gly Phe Arg Ser Ala Leu Thr Ser Val Val Asn Lys Tyr Ala Lys Asp
210   215   220

Arg Lys Leu Leu Lys Asp Lys Asp Pro Asn Leu Thr Gly Asp Asp Ile
225   230   235   240

Arg Glu Gly Leu Ala Ala Val Ile Ser Val Lys Val Ser Glu Pro Gln
            245   250   255

Phe Glu Gly Gln Thr Lys Thr Lys Leu Gly Asn Thr Glu Val Lys Ser

```
                260              265              270
Phe Val Gln Lys Val Cys Asn Glu Gln Leu Thr His Trp Phe Glu Ala
        275              280              285
Asn Pro Thr Asp Ser Lys Val Val Asn Lys Ala Val Ser Ser Ala
        290              295              300
Gln Ala Arg Ile Ala Ala Arg Lys Ala Arg Glu Leu Val Arg Arg Lys
305              310              315              320
Ser Ala Thr Asp Ile Gly Gly Leu Pro Gly Lys Leu Ala Asp Cys Arg
                325              330              335
Ser Thr Asp Pro Arg Lys Ser Glu Leu Tyr Val Val Glu Gly Asp Ser
                340              345              350
Ala Gly Gly Ser Ala Lys Ser Gly Arg Asp Ser Met Phe Gln Ala Ile
        355              360              365
Leu Pro Leu Arg Gly Lys Ile Ile Asn Val Glu Lys Ala Arg Ile Asp
        370              375              380
Arg Val Leu Lys Asn Thr Glu Val Gln Ala Ile Ile Thr Ala Leu Gly
385              390              395              400
Thr Gly Ile His Asp Glu Phe Asp Ile Gly Lys Leu Arg Tyr His Lys
                405              410              415
Ile Val Leu
```

<210> 31

<211> 419

<212> PRT

<213> Mycobacterium tuberculosis

<400> 31

```
Ser Asp Ala Tyr Ala Ile Ser Gly Gly Leu His Gly Val Gly Val Ser
1               5                10               15
Val Val Asn Ala Leu Ser Thr Arg Leu Glu Val Glu Ile Lys Arg Asp
                20               25               30
Gly Tyr Glu Trp Ser Gln Val Tyr Glu Lys Ser Glu Pro Leu Gly Leu
        35               40               45
Lys Gln Gly Ala Pro Thr Lys Lys Thr Gly Ser Thr Val Arg Phe Trp
        50               55               60
Ala Asp Pro Ala Val Phe Glu Thr Thr Glu Tyr Asp Phe Glu Thr Val
65               70               75               80
Ala Arg Arg Leu Gln Glu Met Ala Phe Leu Asn Lys Gly Leu Thr Ile
                85               90               95
Asn Leu Thr Asp Glu Arg Val Thr Gln Asp Glu Val Val Asp Glu Val
        100              105              110
Val Ser Asp Val Ala Glu Ala Pro Lys Ser Ala Ser Glu Arg Ala Ala
        115              120              125
Glu Ser Thr Ala Pro His Lys Val Lys Ser Arg Thr Phe His Tyr Pro
        130              135              140
Gly Gly Leu Val Asp Phe Val Lys His Ile Asn Arg Thr Lys Asn Ala
145              150              155              160
Ile His Ser Ser Ile Val Asp Phe Ser Gly Lys Gly Thr Gly His Glu
                165              170              175
Val Glu Ile Ala Met Gln Trp Asn Ala Gly Tyr Ser Glu Ser Val His
        180              185              190
Thr Phe Ala Asn Thr Ile Asn Thr His Glu Gly Gly Thr His Glu Glu
```

```
          195                 200                 205
Gly Phe Arg Ser Ala Leu Thr Ser Val Val Asn Lys Tyr Ala Lys Asp
     210                 215                 220
Arg Lys Leu Leu Lys Asp Lys Asp Pro Asn Leu Thr Gly Asp Asp Ile
225                 230                 235                 240
Arg Glu Gly Leu Ala Ala Val Ile Ser Val Lys Val Ser Glu Pro Gln
               245                 250                 255
Phe Glu Gly Gln Thr Lys Thr Lys Leu Gly Asn Thr Glu Val Lys Ser
          260                 265                 270
Phe Val Gln Lys Val Cys Asn Glu Gln Leu Thr His Trp Phe Glu Ala
     275                 280                 285
Asn Pro Thr Asp Ala Lys Val Val Val Asn Lys Ala Val Ser Ser Ala
     290                 295                 300
Gln Ala Arg Ile Ala Ala Arg Lys Ala Arg Glu Leu Val Arg Arg Lys
305                 310                 315                 320
Ser Ala Thr Asp Ile Gly Gly Leu Pro Gly Lys Leu Ala Asp Cys Arg
               325                 330                 335
Ser Thr Asp Pro Arg Lys Ser Glu Leu Tyr Val Val Glu Gly Asp Ser
          340                 345                 350
Ala Gly Gly Ser Ala Lys Ser Gly Arg Asp Ser Met Phe Gln Ala Ile
     355                 360                 365
Leu Pro Leu Arg Gly Lys Ile Ile Asn Val Glu Lys Ala Arg Ile Asp
     370                 375                 380
Arg Val Leu Lys Asn Thr Glu Val Gln Ala Ile Ile Thr Ala Leu Gly
385                 390                 395                 400
Thr Gly Ile His Asp Glu Phe Asp Ile Gly Lys Leu Arg Tyr His Lys
               405                 410                 415
Ile Val Leu
```

<210> 32

<211> 419

<212> PRT

<213> Mycobacterium gastri

<400> 32

```
Ser Asp Ala Tyr Ala Ile Ser Gly Gly Leu His Gly Val Gly Val Ser
1                 5                 10                 15
Val Val Asn Ala Leu Ser Ile Arg Leu Glu Val Glu Ile Lys Arg Asp
               20                 25                 30
Gly His Glu Trp Ser Gln Val Tyr Glu Lys Ser Glu Pro Met Gly Leu
          35                 40                 45
Lys Gln Gly Ala Pro Thr Lys Lys Thr Gly Thr Thr Val Arg Phe Trp
     50                 55                 60
Ala Asp Pro Asn Val Phe Glu Thr Thr Glu Tyr Asp Phe Glu Thr Val
65                 70                 75                 80
Ala Arg Arg Leu Gln Glu Met Ala Phe Leu Asn Lys Gly Leu Thr Ile
               85                 90                 95
Asn Leu Thr Asp Gln Arg Val Thr Gln Asp Glu Val Val Asp Glu Val
          100                 105                 110
Val Ser Asp Val Ala Glu Ala Pro Lys Ser Ala Ser Glu Lys Ala Ala
          115                 120                 125
Glu Phe Thr Ala Pro His Lys Val Lys Lys Arg Thr Phe His Tyr Pro
```

```
                 130             135              140
Gly Gly Leu Val Asp Phe Val Lys His Ile Asn Arg Thr Lys Asn Ala
145             150              155              160
Ile His Ser Ser Ile Val Asp Phe Ser Gly Lys Gly Thr Gly His Glu
                 165             170              175
Val Glu Ile Ala Met Gln Trp Asn Ala Gly Tyr Ser Glu Ser Val His
                 180             185              190
Thr Phe Ala Asn Thr Ile Asn Thr His Glu Gly Gly Thr His Glu Glu
                 195             200              205
Gly Phe Arg Ser Ala Leu Thr Ser Val Val Asn Lys Tyr Ala Lys Asp
        210             215              220
Arg Lys Leu Leu Lys Asp Lys Asp Pro Asn Leu Thr Gly Asp Asp Ile
225             230              235              240
Arg Glu Gly Leu Ala Ala Val Ile Ser Val Lys Val Ser Glu Pro Gln
                 245             250              255
Phe Glu Gly Gln Thr Lys Thr Lys Leu Gly Asn Thr Glu Val Lys Ser
                 260             265              270
Phe Val Gln Lys Val Cys Asn Glu Gln Leu Thr His Trp Phe Glu Ala
                 275             280              285
Asn Pro Ala Asp Ala Lys Thr Val Val Asn Lys Ala Val Ser Ser Ala
                 290             295              300
Gln Ala Arg Ile Ala Ala Arg Lys Ala Arg Glu Leu Val Arg Arg Lys
305             310              315              320
Ser Ala Thr Asp Leu Gly Gly Leu Pro Gly Lys Leu Ala Asp Cys Arg
                 325             330              335
Ser Thr Asp Pro Arg Lys Ser Glu Leu Tyr Val Val Glu Gly Asp Ser
                 340             345              350
Ala Gly Gly Ser Ala Lys Ser Gly Arg Asp Ser Met Phe Gln Ala Ile
                 355             360              365
Leu Pro Leu Arg Gly Lys Ile Ile Asn Val Glu Lys Ala Arg Ile Asp
        370             375              380
Arg Val Leu Lys Asn Thr Glu Val Gln Ala Ile Ile Thr Ala Leu Gly
385             390              395              400
Thr Gly Ile His Asp Glu Phe Asp Ile Ala Arg Leu Arg Tyr His Lys
                 405             410              415
Ile Val Leu
```

<210> 33

<211> 421

<212> PRT

<213> Mycobacterium marinum

<400> 33

```
Gly Glu Asn Ser Gly Tyr Asn Val Ser Gly Gly Leu His Gly Val Gly
1               5               10               15
Val Ser Val Val Asn Ala Leu Ser Thr Arg Leu Glu Val Asp Ile Lys
                 20              25               30
Arg Asp Gly Tyr Glu Trp Ser Gln Phe Tyr Asp Arg Ala Gln Pro Gly
                 35              40               45
Thr Leu Lys Gln Gly Glu Ala Thr Lys Lys Thr Gly Thr Thr Ile Arg
        50              55               60
Phe Trp Ala Asp Ser Asp Ile Phe Glu Thr Thr Glu Tyr Asp Phe Glu
```

```
                                                    93                                          94
           65                  70                 75              80
      Thr Val Ala Arg Arg Leu Gln Glu Met Ala Phe Leu Asn Lys Gly Leu
                       85                 90                 95
      Thr Ile Asn Leu Thr Asp Glu Arg Val Thr Pro Asp Glu Val Val Asp
                  100                105                110
      Asp Val Val Ser Asp Thr Ala Glu Ala Pro Lys Ser Ala Gln Glu Lys
             115                120                125
      Ala Ala Glu Ser Thr Ala Pro His Lys Val Lys Ser Arg Thr Phe His
         130                135                140
      Tyr Pro Gly Gly Leu Val Asp Phe Val Lys His Ile Asn Arg Thr Lys
      145               150                155                160
      Ser Pro Ile Gln Gln Ser Ile Val Asp Phe Glu Gly Lys Gly Ser Gly
                  165                170                175
      His Glu Val Glu Ile Ala Met Gln Trp Asn Gly Gly Tyr Ser Glu Ser
                  180                185                190
      Val His Thr Phe Ala Asn Thr Ile Asn Thr His Glu Gly Gly Thr His
             195                200                205
      Glu Glu Gly Phe Arg Ser Ala Leu Thr Ser Val Val Asn Lys Tyr Ala
         210                215                220
      Lys Asp Lys Lys Leu Leu Lys Asp Lys Asp Pro Asn Leu Thr Gly Asp
      225               230                235                240
      Asp Ile Arg Glu Gly Leu Ala Ala Val Ile Ser Val Arg Val Ala Glu
                  245                250                255
      Pro Gln Phe Glu Gly Gln Thr Lys Thr Lys Leu Gly Asn Thr Glu Val
                  260                265                270
      Lys Ser Phe Val Gln Lys Val Cys Asn Glu Gln Leu Thr His Trp Phe
             275                280                285
      Glu Ala Asn Pro Ser Glu Ala Lys Thr Ile Val Asn Lys Ala Val Ser
         290                295                300
      Ser Ala Gln Ala Arg Leu Ala Ala Arg Lys Ala Arg Glu Leu Val Arg
      305                310                315                320
      Arg Lys Ser Ala Thr Asp Leu Gly Gly Leu Pro Gly Lys Leu Ala Asp
                  325                330                335
      Cys Arg Ser Thr Asp Pro Arg Lys Ser Glu Leu Tyr Val Val Glu Gly
                  340                345                350
      Asp Ser Ala Gly Gly Ser Ala Lys Ser Gly Arg Asp Ser Met Phe Gln
             355                360                365
      Ala Ile Leu Pro Leu Arg Gly Lys Ile Ile Asn Val Glu Lys Ala Arg
         370                375                380
      Ile Asp Arg Val Leu Lys Asn Thr Glu Val Gln Ala Ile Ile Thr Ala
      385               390                395                400
      Leu Gly Thr Gly Ile His Asp Glu Phe Asp Leu Ser Lys Leu Arg Tyr
                  405                410                415
      His Lys Ile Val Leu
                  420
```

<210> 34

<211> 419

<212> PRT

<213> Mycobacterium microti

<400> 34

```
Ser Asp Ala Tyr Ala Ile Ser Gly Gly Leu His Gly Val Gly Val Ser
 1               5                   10                  15
Val Val Asn Ala Leu Ser Thr Arg Leu Glu Val Glu Ile Lys Arg Asp
            20                  25                  30
Gly Tyr Glu Trp Ser Gln Val Tyr Glu Lys Ser Glu Pro Leu Gly Leu
            35                  40                  45
Lys Gln Gly Ala Pro Thr Lys Lys Thr Gly Ser Thr Val Arg Phe Trp
        50                  55                  60
Ala Asp Pro Ala Val Phe Glu Thr Thr Glu Tyr Asp Phe Glu Thr Val
65                  70                  75                  80
Ala Arg Arg Leu Gln Glu Met Ala Phe Leu Asn Lys Gly Leu Thr Ile
                85                  90                  95
Asn Leu Thr Asp Glu Arg Val Thr Gln Asp Glu Val Val Asp Glu Val
            100                 105                 110
Val Ser Asp Val Ala Glu Ala Pro Lys Ser Ala Ser Glu Arg Ala Ala
            115                 120                 125
Glu Ser Thr Ala Pro His Lys Val Lys Ser Arg Thr Phe His Tyr Pro
        130                 135                 140
Gly Gly Leu Val Asp Phe Val Lys His Ile Asn Arg Thr Lys Asn Ala
145                 150                 155                 160
Ile His Ser Ser Ile Val Asp Phe Ser Gly Lys Gly Thr Gly His Glu
                165                 170                 175
Val Glu Ile Ala Met Gln Trp Asn Ala Gly Tyr Ser Glu Ser Val His
                180                 185                 190
Thr Phe Ala Asn Thr Ile Asn Thr His Glu Gly Gly Thr His Glu Glu
            195                 200                 205
Gly Phe Arg Ser Ala Leu Thr Ser Val Val Asn Lys Tyr Ala Lys Asp
        210                 215                 220
Arg Lys Leu Leu Lys Asp Lys Asp Pro Asn Leu Thr Gly Asp Asp Ile
225                 230                 235                 240
Arg Glu Gly Leu Ala Ala Val Ile Ser Val Lys Val Ser Glu Pro Gln
                245                 250                 255
Phe Glu Gly Gln Thr Lys Thr Lys Leu Gly Asn Thr Glu Val Lys Ser
                260                 265                 270
Phe Val Gln Lys Val Cys Asn Glu Gln Leu Thr His Trp Phe Glu Ala
            275                 280                 285
Asn Pro Thr Asp Ser Lys Val Val Val Asn Lys Ala Val Ser Ser Ala
        290                 295                 300
Gln Ala Arg Ile Ala Ala Arg Lys Ala Arg Glu Leu Val Arg Arg Lys
305                 310                 315                 320
Ser Ala Thr Asp Ile Gly Gly Leu Pro Gly Lys Leu Ala Asp Cys Arg
                325                 330                 335
Ser Thr Asp Pro Arg Lys Ser Glu Leu Tyr Val Val Glu Gly Asp Ser
            340                 345                 350
Ala Gly Gly Ser Ala Lys Ser Gly Arg Asp Ser Met Phe Gln Ala Ile
        355                 360                 365
Leu Pro Leu Arg Gly Lys Ile Ile Asn Val Glu Lys Ala Arg Ile Asp
        370                 375                 380
Arg Val Leu Lys Asn Thr Glu Val Gln Ala Ile Ile Thr Ala Leu Gly
385                 390                 395                 400
```

Thr Gly Ile His Asp Glu Phe Asp Ile Gly Lys Leu Arg Tyr His Lys
　　　　　　　405　　　　　　　　410　　　　　　　　415

Ile Val Leu

<210> 35

<211> 421

<212> PRT

<213> Mycobacterium asiaticum

<400> 35

Gly Glu Asn Ser Gly Tyr Thr Val Ser Gly Gly Leu His Gly Val Gly
1　　　　　　　5　　　　　　　　10　　　　　　　　15

Val Ser Val Val Asn Ala Leu Ser Thr Arg Leu Glu Val Asp Ile Lys
　　　　　　　20　　　　　　　　25　　　　　　　　30

Arg Asp Gly His Glu Trp Ser Gln Tyr Tyr Glu Arg Ala Val Pro Gly
　　　　35　　　　　　　　40　　　　　　　　45

Thr Leu Lys Gln Gly Glu Ala Thr Lys Lys Thr Gly Thr Thr Ile Arg
　　　50　　　　　　　　55　　　　　　　　60

Phe Trp Ala Asp Pro Asp Ile Phe Glu Thr Thr Gln Tyr Asp Phe Glu
65　　　　　　　70　　　　　　　　75　　　　　　　　80

Thr Val Ala Arg Arg Leu Gln Glu Met Ala Phe Leu Asn Lys Gly Leu
　　　　　　　85　　　　　　　　90　　　　　　　　95

Thr Ile Asn Leu Thr Asp Glu Arg Val Asp Gln Asp Glu Val Val Asp
　　　　　　　100　　　　　　　105　　　　　　　110

Glu Val Val Ser Asp Thr Ala Asp Ala Pro Lys Ser Ala Glu Glu Lys
　　　　115　　　　　　　　120　　　　　　　125

Ala Ala Glu Ser Lys Ala Pro His Lys Val Lys His Arg Thr Phe His
　　　　130　　　　　　　　135　　　　　　　140

Tyr Pro Gly Gly Leu Val Asp Phe Val Lys His Ile Asn Arg Thr Lys
145　　　　　　　150　　　　　　　　155　　　　　　　160

Ser Pro Ile Gln Gln Ser Val Ile Asp Phe Glu Gly Lys Gly Thr Gly
　　　　　　　165　　　　　　　170　　　　　　　175

His Glu Val Glu Ile Ala Met Gln Trp Asn Gly Gly Tyr Ser Glu Ser
　　　　　　　180　　　　　　　185　　　　　　　190

Val His Thr Phe Ala Asn Thr Ile Asn Thr His Glu Gly Gly Thr His
　　　　　　　195　　　　　　　200　　　　　　　205

Glu Glu Gly Phe Arg Ser Ala Leu Thr Ser Val Val Asn Lys Tyr Ala
　　　210　　　　　　　　215　　　　　　　220

Lys Asp Lys Lys Leu Leu Lys Asp Lys Asp Pro Asn Leu Thr Gly Asp
225　　　　　　　230　　　　　　　　235　　　　　　　240

Asp Ile Arg Glu Gly Leu Ala Ala Val Ile Ser Val Lys Val Ala Glu
　　　　　　　245　　　　　　　250　　　　　　　255

Pro Gln Phe Glu Gly Gln Thr Lys Thr Lys Leu Gly Asn Thr Glu Val
　　　　　　　260　　　　　　　265　　　　　　　270

Lys Ser Phe Val Gln Lys Val Cys Asn Glu Gln Leu Thr His Trp Phe
　　　　275　　　　　　　　280　　　　　　　285

Glu Ala Asn Pro Ser Glu Ala Lys Thr Val Val Asn Lys Ala Val Ser
　　　290　　　　　　　　295　　　　　　　300

Ser Ala Gln Ala Arg Ile Ala Ala Arg Lys Ala Arg Glu Leu Val Arg
305　　　　　　　310　　　　　　　　315　　　　　　　320

Arg Lys Ser Ala Thr Asp Leu Gly Gly Leu Pro Gly Lys Leu Ala Asp
　　　　　　　325　　　　　　　330　　　　　　　335

Cys Arg Ser Thr Asp Pro Arg Lys Ser Glu Leu Tyr Val Val Glu Gly
　　　　　　340　　　　　　　　345　　　　　　　350

Asp Ser Ala Gly Gly Ser Ala Lys Ser Gly Arg Asp Ser Met Phe Gln
　　　　　　355　　　　　　　　360　　　　　　　365

Ala Ile Leu Pro Leu Arg Gly Lys Ile Ile Asn Val Glu Lys Ala Arg
　　　　　　370　　　　　　　　375　　　　　　　380

Ile Asp Arg Val Leu Lys Asn Thr Glu Val Gln Ala Ile Ile Thr Ala
385　　　　　　　　390　　　　　　　　395　　　　　　　　400

Leu Gly Thr Gly Ile His Asp Glu Phe Asp Ile Ser Lys Leu Arg Tyr
　　　　　　405　　　　　　　　410　　　　　　　415

His Lys Ile Val Leu
　　　　　420

<210> 36

<211> 421

<212> PRT

<213> Mycobacterium scrofulceum

<400> 36

Gly Glu Asn Ser Gly Tyr Thr Val Ser Gly Gly Leu His Gly Val Gly
　1　　　　　　　　5　　　　　　　　10　　　　　　　15

Val Ser Val Val Asn Ala Leu Ser Thr Arg Leu Glu Val Thr Ile Lys
　　　　　　20　　　　　　　　25　　　　　　　30

Arg Asp Gly His Glu Trp Phe Gln Tyr Tyr Asp Arg Ala Val Pro Gly
　　　　　35　　　　　　　　40　　　　　　　45

Thr Leu Lys Gln Gly Glu Ala Thr Lys Thr Gly Thr Thr Ile Arg
　　　　50　　　　　　　　55　　　　　　　60

Phe Trp Ala Asp Pro Glu Ile Phe Glu Thr Thr Gln Tyr Asp Phe Glu
65　　　　　　　　70　　　　　　　　75　　　　　　　　80

Thr Val Ala Arg Arg Leu Gln Glu Met Ala Phe Leu Asn Lys Gly Leu
　　　　　　85　　　　　　　　90　　　　　　　95

Thr Ile Asn Leu Thr Asp Glu Arg Val Glu Gln Asp Glu Val Val Asp
　　　　　　100　　　　　　　　105　　　　　　　110

Glu Val Val Ser Asp Thr Ala Glu Ala Pro Lys Ser Ala Glu Glu Lys
　　　　115　　　　　　　　120　　　　　　　125

Ala Ala Glu Ser Thr Ala Pro His Lys Val Lys His Arg Thr Phe His
　　　130　　　　　　　　135　　　　　　　140

Tyr Pro Gly Gly Leu Val Asp Phe Val Lys His Ile Asn Arg Thr Lys
145　　　　　　　　150　　　　　　　155　　　　　　　160

Ser Pro Ile Gln Gln Ser Val Ile Asp Phe Asp Gly Lys Gly Thr Gly
　　　　　　165　　　　　　　　170　　　　　　　175

His Glu Val Glu Ile Ala Met Gln Trp Asn Gly Gly Tyr Ser Glu Ser
　　　　　　180　　　　　　　　185　　　　　　　190

Val His Thr Phe Ala Asn Thr Ile Asn Thr His Glu Gly Gly Thr His
　　　　　　195　　　　　　　　200　　　　　　　205

Glu Glu Gly Phe Arg Ser Ala Leu Thr Ser Val Val Asn Lys Tyr Ala
　　　210　　　　　　　　215　　　　　　　220

Lys Asp Lys Lys Leu Leu Lys Asp Lys Asp Pro Asn Leu Thr Gly Asp
225　　　　　　　　230　　　　　　　　235　　　　　　　　240

Asp Ile Arg Glu Gly Leu Ala Ala Val Ile Ser Val Lys Val Ala Glu
　　　　　　245　　　　　　　　250　　　　　　　255

Pro Gln Phe Glu Gly Gln Thr Lys Thr Lys Leu Gly Asn Thr Glu Val

　　　　　　260　　　　　　　265　　　　　　　270
Lys Ser Phe Val Gln Lys Val Cys Asn Glu Gln Leu Thr His Trp Phe
　　　　　　275　　　　　　　280　　　　　　　285
Glu Ala Asn Pro Ser Glu Ala Lys Thr Val Val Asn Lys Ala Val Ser
　　　　　290　　　　　　　295　　　　　　　300
Ser Ala Gln Ala Arg Ile Ala Ala Arg Lys Ala Arg Glu Leu Val Arg
305　　　　　　　310　　　　　　　315　　　　　　　320
Arg Lys Ser Ala Thr Asp Leu Gly Gly Leu Pro Gly Lys Leu Ala Asp
　　　　　　325　　　　　　　330　　　　　　　335
Cys Arg Ser Thr Asp Pro Arg Lys Ser Glu Leu Tyr Val Val Glu Gly
　　　　　340　　　　　　　345　　　　　　　350
Asp Ser Ala Gly Gly Ser Ala Lys Ser Gly Arg Asp Ser Met Phe Gln
　　　　　355　　　　　　　360　　　　　　　365
Ala Ile Leu Pro Leu Arg Gly Lys Ile Ile Asn Val Glu Lys Ala Arg
　　　　　370　　　　　　　375　　　　　　　380
Ile Asp Arg Val Leu Lys Asn Thr Glu Val Gln Ala Ile Ile Thr Ala
385　　　　　　　390　　　　　　　395　　　　　　　400
Leu Gly Thr Gly Ile His Asp Glu Phe Asp Ile Thr Lys Leu Arg Tyr
　　　　　　405　　　　　　　410　　　　　　　415
His Lys Ile Val Leu
　　　　　420

<210> 37

<211> 420

<212> PRT

<213> Mycobacterium branderi

<400> 37

Gly Asp Asp Ser Ala Tyr Ala Val Ser Gly Gly Leu His Gly Val Gly
1　　　　　　　5　　　　　　　10　　　　　　　15
Val Ser Val Val Asn Ala Leu Ser Thr Arg Leu Glu Val Glu Ile Ala
　　　　　　20　　　　　　　25　　　　　　　30
Thr Asp Gly Tyr Glu Trp Phe Gln His Tyr Asp Arg Ser Val Pro Gly
　　　　　35　　　　　　　40　　　　　　　45
Thr Leu Lys Gln Gly Glu Lys Thr Lys Lys Thr Gly Thr Thr Val Arg
　　　　50　　　　　　　55　　　　　　　60
Phe Trp Ala Asp Pro Asp Ile Phe Glu Thr Thr Asp Tyr Asp Phe Glu
65　　　　　　　70　　　　　　　75　　　　　　　80
Thr Val Ala Arg Arg Leu Gln Glu Met Ala Phe Leu Asn Lys Gly Leu
　　　　　　85　　　　　　　90　　　　　　　95
Thr Ile Asn Leu Thr Asp Glu Arg Val Arg Asn Glu Glu Val Val Asp
　　　　　　100　　　　　　　105　　　　　　　110
Glu Val Val Ser Asp Thr Ala Asp Ala Pro Lys Ser Ala Arg Glu Glu
　　　　115　　　　　　　120　　　　　　　125
Ala Glu Glu Arg Thr Thr Gln Lys Val Lys His Arg Thr Phe His Tyr
130　　　　　　　135　　　　　　　140
Pro Gly Gly Leu Val Asp Phe Val Lys His Ile Asn Arg Thr Lys Asn
145　　　　　　　150　　　　　　　155　　　　　　　160
Pro Ile His Ser Ser Ile Val Asp Phe Ser Gly Lys Gly Pro Gly His
　　　　　　165　　　　　　　170　　　　　　　175
Glu Val Glu Ile Ala Met Gln Trp Asn Ala Gly Tyr Ser Glu Ser Val
　　　　180　　　　　　　185　　　　　　　190

103

His Thr Phe Ala Asn Thr Ile Asn Thr His Glu Gly Gly Thr His Glu
　　　195　　　　　　　　200　　　　　　　　205

Glu Gly Phe Arg Ala Ala Leu Thr Ser Val Val Asn Lys Tyr Ala Lys
　　　210　　　　　　　　215　　　　　　　　220

Asp Arg Lys Leu Leu Lys Asp Lys Asp Pro Asn Leu Thr Gly Asp Asp
225　　　　　　　　　230　　　　　　　　235　　　　　　　　240

Ile Arg Glu Gly Leu Ala Ala Val Ile Ser Val Lys Val Ser Glu Pro
　　　　　　245　　　　　　　　250　　　　　　　　255

Gln Phe Glu Gly Gln Thr Lys Thr Lys Leu Gly Asn Thr Glu Val Lys
　　　260　　　　　　　　265　　　　　　　　270

Ser Phe Val Gln Lys Val Cys Asn Glu Gln Leu Thr His Trp Phe Glu
　　　275　　　　　　　　280　　　　　　　285

Ala Asn Pro Ser Asp Ala Lys Thr Val Val Asn Lys Ala Val Ser Ser
　　　290　　　　　　　　295　　　　　　　　300

Ala Gln Ala Arg Ile Ala Ala Arg Lys Ala Arg Glu Leu Val Arg Arg
305　　　　　　　　　310　　　　　　　　315　　　　　　　　320

Lys Ser Ala Thr Asp Leu Gly Gly Leu Pro Gly Lys Leu Ala Asp Cys
　　　　　　325　　　　　　　　330　　　　　　　　335

Arg Ser Thr Asp Pro Arg Lys Ser Glu Leu Tyr Val Val Glu Gly Asp
　　　　　　340　　　　　　　345　　　　　　　350

Ser Ala Gly Gly Ser Ala Lys Ser Gly Arg Asp Ser Met Phe Gln Ala
　　　　　　355　　　　　　　360　　　　　　　365

Ile Leu Pro Leu Arg Gly Lys Ile Ile Asn Val Glu Lys Ala Arg Ile
　　　370　　　　　　　　375　　　　　　　　380

Asp Arg Val Leu Lys Asn Thr Glu Val Gln Ala Ile Ile Thr Ala Leu
385　　　　　　　　　390　　　　　　　　395　　　　　　　　400

Gly Thr Gly Ile His Asp Glu Phe Asp Ile Ser Lys Leu Arg Tyr His
　　　　　　　405　　　　　　　410　　　　　　　　415

Lys Ile Val Leu
　　　　　　420

<210> 38

<211> 421

<212> PRT

<213> Mycobacterium paratuberculosis

<400> 38

Gly Glu Asn Ser Gly Tyr Asn Val Ser Gly Gly Leu His Gly Val Gly
1　　　　　　　　5　　　　　　　　　　10　　　　　　　　　　15

Val Ser Val Val Asn Ala Leu Ser Thr Arg Leu Glu Val Asn Ile Ala
　　　　　　20　　　　　　　　25　　　　　　　　30

Arg Asp Gly Tyr Glu Trp Ser Gln Tyr Tyr Asp His Ala Val Pro Gly
　　　　35　　　　　　　　40　　　　　　　　45

Thr Leu Lys Gln Gly Glu Ala Thr Lys Arg Thr Gly Thr Thr Ile Arg
　　　50　　　　　　　　55　　　　　　　　60

Phe Trp Ala Asp Pro Asp Ile Phe Glu Thr Thr Glu Tyr Asp Phe Glu
65　　　　　　　　　70　　　　　　　　75　　　　　　　　80

Thr Val Ala Arg Arg Leu Gln Glu Met Ala Phe Leu Asn Lys Gly Leu
　　　　　　　85　　　　　　　90　　　　　　　　　95

Thr Ile Asn Leu Thr Asp Glu Arg Val Thr Asn Glu Glu Val Val Asp
　　　　　　100　　　　　　　　105　　　　　　　　110

Glu Val Val Ser Asp Thr Ala Asp Ala Pro Lys Ser Ala Gln Glu Lys

```
              115                  120                  125
Ala Ala Glu Ser Ala Ala Pro His Lys Val Lys His Arg Thr Phe His
      130                  135                  140
Tyr Pro Gly Gly Leu Val Asp Phe Val Lys His Ile Asn Arg Thr Lys
145                  150                  155                  160
Asn Pro Ile His Gln Ser Ile Ile Asp Phe Gly Gly Lys Gly Pro Gly
                      165                  170                  175
His Glu Val Glu Ile Ala Met Gln Trp Asn Gly Gly Tyr Ser Glu Ser
                  180                  185                  190
Val His Thr Phe Ala Asn Thr Ile Asn Thr His Glu Gly Gly Thr His
              195                  200                  205
Glu Glu Gly Phe Arg Ser Ala Leu Thr Ser Val Val Asn Lys Tyr Ala
      210                  215                  220
Lys Asp Lys Lys Leu Leu Lys Asp Lys Asp Pro Asn Leu Thr Gly Asp
225                  230                  235                  240
Asp Ile Arg Glu Gly Leu Ala Ala Val Ile Ser Val Lys Val Ser Glu
                      245                  250                  255
Pro Gln Phe Glu Gly Gln Thr Lys Thr Lys Leu Gly Asn Thr Glu Val
                  260                  265                  270
Lys Ser Phe Val Gln Lys Val Cys Asn Glu Gln Leu Thr His Trp Phe
              275                  280                  285
Glu Ala Asn Pro Ala Asp Ala Lys Val Ile Val Asn Lys Ala Val Ser
      290                  295                  300
Ser Ala Gln Ala Arg Ile Ala Ala Arg Lys Ala Arg Glu Leu Val Arg
305                  310                  315                  320
Arg Lys Ser Ala Thr Asp Leu Gly Gly Leu Pro Gly Lys Leu Ala Asp
                  325                  330                  335
Cys Arg Ser Thr Asp Pro Arg Lys Ser Glu Leu Tyr Val Val Glu Gly
              340                  345                  350
Asp Ser Ala Gly Gly Ser Ala Lys Ser Gly Arg Asp Ser Met Phe Gln
      355                  360                  365
Ala Ile Leu Pro Leu Arg Gly Lys Ile Ile Asn Val Glu Lys Ala Arg
      370                  375                  380
Ile Asp Arg Val Leu Lys Asn Thr Glu Val Gln Ala Ile Ile Thr Ala
385                  390                  395                  400
Leu Gly Thr Gly Ile His Asp Glu Phe Asp Ile Thr Lys Leu Arg Tyr
                  405                  410                  415
His Lys Ile Val Leu
          420
```

```
<210> 39
<211> 38
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<400> 39
tgtaaaacga cggccagtca ygcnggnggn aarttyga

<210> 40
<211> 36
<212> DNA
<213> Artificial Sequence
<400> 40
```

ctgcgttcgt atatgagcnc crtcnacrtc ngcrtc

【図面の簡単な説明】
【図１】マイコバクテリウム・カンサシイとマイコバク
テリウム・ガストリの gyrB 遺伝子の塩基配列を示す図。
【図２】配列番号１、３、５により表されるプライマー＊

＊を用いたPCRの結果を示す図。
【図３】分子系統解析により作製された遅発育性マイコ
バクテリアの系統樹を示す図。

【図１】

図１：Mycobacterium kansasii（上段）と Mycobacterium gastri（下段）の gyrB 配列の比較。
同一の塩基配列の部分は点字で示し、Mycobacterium kansasii の配列のみを示した。

【図２】

図2：配列番号1、3、5を用いた同定結果を示す図。
パネルAが*Mycobacterium kansasii*特異的プライマー（配列番号1、3）、パネルBが、
*Mycobacterium gastri*特異的プライマー（配列番号1、5）にて増幅した結果を示している。そ
れぞれ同じレーン番号は同一の株からの増幅結果を示している。レーン1、12は分子量マ
ーカーである。レーン2：KPM 1001T株、3：KPM 1004株、4：KPM 1007株、5：KPM KY256
株、6：KPM KY761株、7：KPM KY798株、8：KPM 1988-1株、9：KPM 3501T株、10：KPM
3502株、11：KPM 3503株。

【図３】
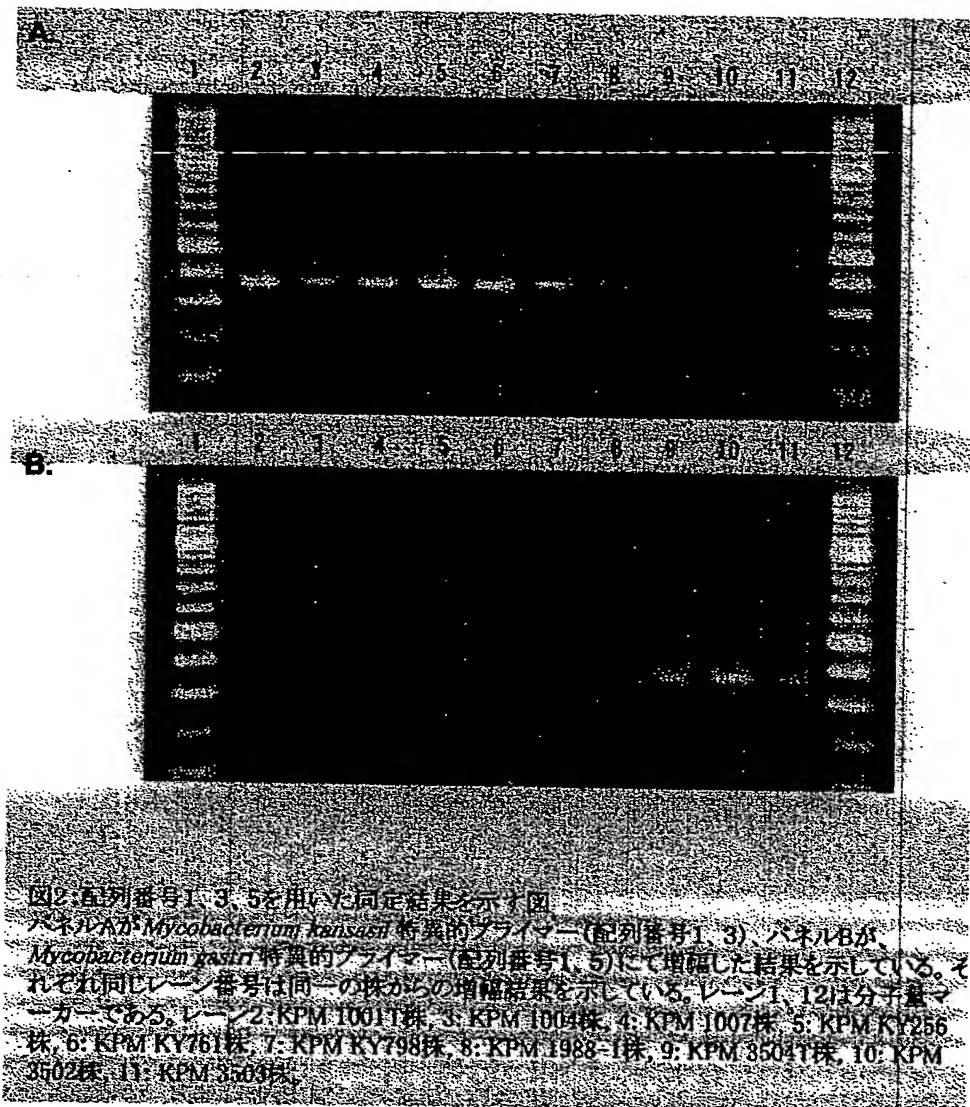
M. simiae KPM1403

M. szulgai KPM2403

Gifu12974

M. marinum KPM1201

M. asiaticum ATCC25274

M. scrofulaceum KPM2027

M. gordonae
KPM2201
KPM2202
KPM2203

M. gordonae

New species
KPM2209
KPM2013
KPM2212
KPM2014
KPM1988-5

0.1

図3：gyrB配列の解析から新しい種の遅育性マイコバクテリアの存在が示された例
分子系統解析を行い、得られたgyrB配列と既に調べられているgyrB配列を比較することにより、KPM 2212, 2014, 1988-5, 2209, 2013の一群の株が新規の種であることが示された。

フロントページの続き

(72)発明者　原山　重明
　　　　　岩手県釜石市平田第３地割75番１　株式会
　　　　　社海洋バイオテクノロジー研究所釜石研究
　　　　　所内

THIS PAGE BLANK (USPTO)

The 16s/23s ribosomal spacer region as a target for DNA probes to identify eubacteria.

Barry T, Colleran G, Glennon M, Dunican LK, Gannon F.

National Diagnostic Centre, BioResearch Ireland, University College Galway.

Variable regions of the 16s ribosomal RNA have been frequently used as the target for DNA probes to identify microorganisms. In some situations, however, there is very little sequence variation observed between the 16s rRNA genes of closely related microorganisms. This study presents a general method to obtain species-specific probes using the spacer (intergenic) region between the 16s and 23s rRNA genes. The overall strategy is analogous to that which has previously been developed for the variable regions of the 16s rRNA genes. Sequence analysis of the 16s rRNA and 23s rRNA coding sequences flanking the spacer regions resulted in the design of PCR primers that can be used to amplify the spacer regions of a wide range of eubacteria. Sequencing the amplified spacer region then gives rise to the information that can be used to select specific DNA sequences for use as a DNA probe or for the generation of specific PCR primers to a microorganism of interest. In this study the approach to develop specific DNA markers for members of the genus Clostridium is described in detail. A specific DNA oligonucleotide probe and PCR primers have been designed for Clostridium perfringens that distinguish it from other organisms in the genus.

THIS PAGE BLANK (USPTO)